

分类号: Q965; Q7

单位代码: 10335

密 级: \_\_\_\_\_

学 号: 11016079

# 浙江大学

## 博士学位论文



四类转 *Bt* 基因 (*cry1Ab*、*cry1Ab/vip3H*、*cry1C*、*cry2A*) 抗虫水稻

对稻田节肢动物群落结构和主要非靶标生物的风险评估

**Ecological assessment of transgenic *cry1Ab*, *cry1Ab/vip3H*, *cry1C*, or *cry2A***

**insect-resistance rice on arthropod community**

**and the main non-target organisms**

申请人姓名: 卢增斌

指导教师: 郭予元 研究员

叶恭银 教授

学科(专业): 农业昆虫与害虫防治

研究方向: 转基因植物安全性评价

所在学院: 农业与生物技术学院

提交日期 二〇一三年六月

四类转 *Bt* 基因 (*cry1Ab*、*cry1Ab/vip3H*、*cry1C*、*cry2A*) 抗虫  
水稻对稻田节肢动物群落结构和主要非靶标生物的风险评估



论文作者签名: \_\_\_\_\_

指导教师签名: \_\_\_\_\_

论文评阅人:     隐名评阅    

答辩委员会主席: 张国安 教授 博导 华中农业大学植物科技学院

委员 1: 林拥军 教授 博导 华中农业大学生命科学学院

委员 2: 俞晓平 教授 博导 中国计量学院生命科学学院

委员 3: 吕仲贤 研究员 博导 浙江省农业科学院植微所

委员 4: 华红霞 教授 博导 华中农业大学植物科技学院

委员 5: 沈志成 教授 博导 浙江大学农业与生物技术学院

委员 6: 叶恭银 教授 博导 浙江大学农业与生物技术学院

答辩日期:     2013 年 12 月

**Ecological Assessment of Transgenic *cry1Ab*, *cry1Ab/vip3H*, *cry1C*,  
or *cry2A* Insect-Resistance Rice on the Arthropod Community  
and Main Non-Target Organisms**



**Author's signature:** \_\_\_\_\_

**Supervisor's signature:** \_\_\_\_\_

Examining Committee Chairperson:

Prof. Guoan Zhang Huazhong Agricultural University

Examining Committee Members:

Prof. Yongjun Lin Huazhong Agricultural University

Prof. Xiaoping Yu China Jiliang University

Prof. Zhongxian Lv Zhejiang Academy of Agricultural Sciences

Prof. Hongxia Hua Huazhong Agricultural University

Prof. Zhicheng Shen Zhejiang University

Prof. Gongyin Ye Zhejiang University

Date of oral defence: December, 2013

## 浙江大学研究生学位论文独创性声明

本人声明所呈交的学位论文是本人在导师指导下进行的研究工作及取得的研究成果。除了文中特别加以标注和致谢的地方外，论文中不包含其他人已经发表或撰写过的研究成果，也不包含为获得 浙江大学 或其他教育机构的学位或证书而使用过的材料。与我一同工作的同志对本研究所做的任何贡献均已在论文中作了明确的说明并表示谢意。

学位论文作者签名：

签字日期：

年 月 日

## 学位论文版权使用授权书

本学位论文作者完全了解 浙江大学 有权保留并向国家有关部门或机构送交本论文的复印件和磁盘，允许论文被查阅和借阅。本人授权 浙江大学 可以将学位论文的全部或部分内容编入有关数据库进行检索和传播，可以采用影印、缩印或扫描等复制手段保存、汇编学位论文。

（保密的学位论文在解密后适用本授权书）

学位论文作者签名：

导师签名：

签字日期： 年 月 日

签字日期： 年 月 日

本研究承蒙

国家转基因生物新品种培育重大科技专项

(编号: 2011/2013ZX08011-01)

国家重大基础研究发展计划 (973)

(编号: 2007CB109202)

国家自然科学基金创新研究群体科学基金

(编号: 31021003)

资助

**Financial support was provided by the Special Research Projects for Developing Transgenic Plants (No.2011/2013ZX08011-001), National Basic Research Program of China (No. 2007CB109202), and China National Science Fund for Innovative Research Groups of Biological Control (Grant no. 31021003)**

## 致谢

冬去春来、岁月交替。一转眼的光阴，又到了毕业的季节，三年的宝贵时间给予我的不仅仅是成长，更重要的是人生的历练和感恩的心，感谢那些曾经帮助我、关心我和支持我的老师、同学、朋友和家人。

首先，我要感谢我的导师郭予元研究员和叶恭银教授。论文从选题到试验设计及试验开展的各个环节都凝聚着导师的心血和汗水。三年以来，叶老师在学习、科研和生活各方面都给予了我极大的关心和帮助。叶老师渊博精深的学识、尖锐敏捷的思路、勤奋忘我的工作精神，让我深深的感受到在科研道路上的献身精神，无论在学术上，还是做人方面，自己都受到潜移默化的教诲。郭予元先生对论文的开展和完成提出了很多宝贵的建议，同时郭先生为人和处事的原则都深深的启发我、教育我。在此，谨再次向两位导师表示万分的感谢。

本研究组的胡萃教授德高望重、博学多才、治学严谨、为人谦和，让我感受到真正的学者风范。我还要感谢本所何俊华教授、程家安教授、刘树生教授、陈学新教授、张传溪教授、沈志成教授、施祖华教授、娄永根教授、莫建初教授、蒋明星教授、祝增荣研究员、唐启义研究员、余虹副教授、时敏副教授、鲍艳原副教授、刘银泉副教授、姚红渭副教授和黄佳副教授等的授业解惑、关心指导。从他们身上我感受到浙大昆虫所是一个团结奋进、成绩卓然、科研氛围浓厚的团队，这使我认识到了团队的重要性并分享到团队间共有的快乐。

本实验室博士后陈洋、方琦、慎小晶，博士王磊、常雪、祖风、吴顺凡、钱岑、王飞、汪芳、朱宇、徐刚、齐易香、严志超、藤子文、杨蕾、贾文茜，硕士生李兆亮、李艳敏、李秀花、朱洋铿、王伟、王飞、郭燕、孙方达、程璐、姚尧、刘玉娥、夏仁英、韩乃顺、巨青松、杜玉萍、宁铎、武亚苏、陈利鹏，他们在平时的科研及日常生活中都给予过关心和帮助。特别感谢王飞在分子生物学实验操作方面给予的帮助，韩乃顺帮我承担了很多的田间工作使我能够静下心来完成博士论文的写作。在此一并致以真挚的谢意。

湖南农业大学的实习生廖辉、罗仄平，安徽农业大学的钟婷、冯明峰，华南农业大学的党聪在田间试验中都付出了辛勤的劳动，在这里对他们表示感谢。

我要特别感谢我的父母、我的家人对我始终如一的理解、支持，从他们身上真正的感受到最无私的爱，感谢我的老婆在我最无助的时候给予的支持以及我可爱的女儿带给我的欢声笑语。

感谢华中农业大学的林拥军教授和浙江大学的沈志成教授所提供的 *Bt* 水稻种子。

最后，再次感谢所有给我以帮助、爱护的老师、亲人、同学和朋友。同时向参加论文评阅及答辩委员会的各位专家、教授致以诚挚的谢意！

卢增斌

2013年12月于浙江大学紫金港校区启真湖畔

## 中文摘要

水稻是世界上最主要的粮食作物之一。然而，以稻米为食的人口数量却持续增长。可用耕地面积的减少以及病虫害都严重制约着粮食产量的增加。随着现代生物技术的发展，抗虫、抗病、抗除草剂或者复合性状的转基因水稻得到培育，这些转基因水稻可以在很大程度上减轻病虫害对水稻产量的限制。但是，转基因技术是把双刃剑，在取得巨大经济效益和生态效益的同时，也可能带来一系列的风险，其中最主要的两个担忧是：转基因作物的持续种植可能导致靶标害虫抗性的产生及对非靶标生物特别是非靶标植食者和自然天敌产生潜在的影响。鉴于此，本文以四类转 *Bt* 基因抗虫水稻为材料，即转 *cry1Ab* 基因粳稻品种 KMD1 和 KMD2 及其亲本对照 Xiushui11 (XS11)、转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻品种 G6H1 及其亲本对照 Xiushui110 (XS110)、转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻品种 T1C-19、T2A-1 及其亲本对照 MH63，在室内和田间条件下，系统评价了这四类转 *Bt* 基因抗虫水稻对稻田节肢动物群落、非靶标植食性昆虫-褐飞虱和白背飞虱、以及自然天敌-拟环纹豹蛛的生态风险，以明确转基因水稻种植之后能否对非靶标生物产生潜在的影响。

### 1 四类转基因抗虫水稻对稻田节肢动物群落结构的影响

多年多点的研究结果表明，*Bt* 水稻田生境中，节肢动物群落各功能团类群的组成及优势类群与对照相同：植食性昆虫优势类群为飞虱和叶蝉；寄生性昆虫根据地点、年代和水稻品系的不同主要是茧蜂科或金小蜂科、姬蜂科、跳小蜂科、锤角细蜂科、纓小蜂科中的两类；捕食性天敌主要包括捕食性昆虫长足虻、舞虻、黑肩绿盲蝽或尖钩宽尾蝽，以及蜘蛛类的肖蛸科、微蛛科、球腹蛛科或狼蛛科；腐食性昆虫为长角跳虫科、等节跳虫科和圆跳虫科。寄生性昆虫的优势度和密度多低于对照，但差异未达显著水平。*Bt* 水稻田中节肢动物群落的物种丰富度、Shannon-Wiener 多样性指数、均匀性指数和 Simpson 优势集中性指数，及其时间动态，与对照相比在大多数情况下基本上没有明显差异。PRC 分析 (Principal curves analysis) 表明 *Bt* 水稻和对照之间的整个节肢动物群落结构除个别年份和地点存在差异外，总的来看，两者之间具有较高的相似性，而且节肢动物群落结构的不同更多是由于取样时间所导致的，水稻品种所占的比例比较小。物种权重的分析也表明权重比较高的物种的密度除极个别之外，基本上也没有受到 *Bt* 水稻的影响。综合以上的分析结果说明，四类转 *Bt* 基因抗虫水稻对稻田节肢动物群落结构无明显的负面影响。

### 2 四类转基因抗虫水稻对非靶标植食性昆虫亚群落及其优势类群种群动态的影响

*Bt* 水稻与对照田相比，非靶标植食性昆虫类群组成相似，其中飞虱类、叶蝉类、秆蝇

类和水蝇类均为重要的优势类群。优势类群如飞虱类、叶蝉类、秆蝇类和水蝇类种群密度的时间动态,以及飞虱类的优势种-白背飞虱和褐飞虱以及叶蝉类的黑尾叶蝉的种群密度的时间动态则因转基因水稻品系、年份、地点而异,与对照相比一般无显著差异,但有时以转基因水稻显著地为高或低。总体来说,*Bt* 水稻对非靶标植食性昆虫尤其是优势类群密度有时会呈现一定负面或正面效应。

### 3 四类转基因抗虫水稻对寄生性昆虫亚群落及其优势类群种群动态的影响

*Bt* 水稻稻田生境中,寄生蜂类群的组成与优势度的分布与对照具有很高的相似性,而茧蜂科的密度则显著性的低于对照,其余两种优势类群的密度及时间动态,除极个别取样时间*Bt* 水稻显著性的低于对照外,总的来说,一般无明显的差异。

### 4 四类转基因抗虫水稻对捕食性昆虫亚群落及其优势类群种群动态的影响

转 *Bt* 基因粳稻或籼稻与对照之间捕食性昆虫的组成和优势度的分布比较类似,黑肩绿盲蝽、尖钩宽尾蝽、舞虻和长足虻是主要的优势类群。*Bt* 水稻田中,这四类优势类群的密度及其时间动态,与对照相比,大多情况下都无显著差异,虽然有时在极个别取样时间存在差异。可见,*Bt* 水稻对稻田捕食性昆虫的组成与优势类群的密度没有负面的影响。

### 5 四类转基因抗虫水稻对蜘蛛亚群落及其优势类群种群动态的影响

蜘蛛种类组成及优势种在四类转基因 *Bt* 水稻田与其相应的对照田间基本相似,各蜘蛛种类的平均密度在四类转基因 *Bt* 水稻田与相应的对照间除极个别存在差异之外,也基本上相似。四类转 *Bt* 基因水稻及相应的对照之间的蜘蛛亚群落的群落参数(物种丰富度、Shannon-Wiener 多样性指数、均匀性指数和 Simpson 优势集中性指数)也没有显著差异。PRC 分析和物种权重分析结果也表明,除极个别的年份和地点之间有所差异,*Bt* 水稻和对照之间的蜘蛛亚群落结构也没有显著差异,并且物种的权重也并没有一致性降低或者升高。四类优势种,即食虫沟瘤蛛、八斑球腹蛛、拟环纹狼蛛和锥腹肖蛸的种群密度及时间动态与对照间相比大多无显著差异。

### 6 四类转基因抗虫水稻对腐食类亚群落及其优势类群种群动态的影响

转 *Bt* 基因粳稻或籼稻与对照田间腐食性昆虫的组成和优势度的分布比较类似,长角跳虫科、等节跳虫科和圆跳虫科是主要的优势类群。*Bt* 水稻田中,这三类优势类群密度的时间动态,与对照相比,大多情况下都无显著差异,虽然有时在极个别取样时间存在差异。可见,*Bt* 水稻对稻田腐食性昆虫的组成与优势类群的密度没有负面的影响。

### 7 室内条件下转 *cry1C* 或 *cry2A* 水稻对褐飞虱及转 *cry1Ab/vip3H* 水稻白背飞虱生物学参数的影响

在室内条件下,采用生命表分析的方法,系统评价了转 *cry1Ab/vip3H* 基因水稻及其对照亲本 XS110 对白背飞虱,转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因水稻 T1C-19 和 T2A-1 及其亲本对照 MH63 对褐色飞虱生长发育、繁殖、存活和蜜露量的影响。研究表明,转 *cry1Ab/vip3H* 基因水稻对白背飞虱的整个若虫期和雌成虫的寿命有显著影响,但是产卵量在水稻品种之间没有显著差异,取食转基因水稻的白背飞虱所产的蜜露量也高于对照,也就是说取食转 *cry1Ab/vip3H* 基因水稻的白背飞虱发育速度加快;转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因水稻对褐飞虱的各个生物学参数都没有显著影响。总之,三类转 *Bt* 基因水稻对飞虱的影响因所转入的基因、水稻品种以及飞虱的种类有所差异,三类转 *Bt* 基因水稻不可能导致飞虱种群数量的上升。

### 8 转 *cry1C*, *cry2A*, 和 *cry1Ab/vip3H* 基因水稻对拟环纹豹蛛生长发育和体重的影响

在室内条件下,系统评价了转 *cry1Ab/vip3H* 基因水稻、转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因水稻及各自的对照亲本对拟环纹豹蛛生长发育、存活以及体重的影响。研究表明, *Bt* 蛋白可以通过三级营养关系进行传递,以水稻含量最高,飞虱次之,蜘蛛最低。除少数龄期的若蛛历期以及 T1C-19 和对照之间的若蛛存活率受到影响之外,大部分龄期以及从 2 龄到成蛛期的整个历期和若蛛存活率在 *Bt* 水稻和对照之间是相似的,并且初羽化雌雄成虫的体重在转基因水稻和对照之间也没有显著差异,可见,三类转 *Bt* 基因水稻对拟环纹豹蛛基本上无负面的影响。

**关键词:** *Bt* 水稻, *cry1Ab/vip3H* 基因, *cry1C* 基因, *cry2A* 基因, 风险评估, 节肢动物, 植食性昆虫, 捕食类昆虫, 蜘蛛, 腐食性昆虫, 寄生蜂, (Principal Curves analysis) PRC 分析, 白背飞虱, 褐飞虱, 黑尾叶蝉, 黑肩绿盲蝽, 拟环纹豹蛛, 食虫瘤胸蛛, 八斑球腹蛛, 锥腹肖蛸, 种群密度, 群落结构, 生物学参数, 生殖力, 蜜露

## Abstract

Rice is one of the most important food crops in the world. However, food production has always been challenged by many factors with the continued growing of the population and reduction in areas for planting crops. Modern biotechnology has been used to develop transgenic rice varieties with insect-resistance, disease-resistance, herbicide-resistant, or pyramid traits to control insect pests, diseases, and weeds. Although these crops had shown multiple benefits, including economic benefits to growers, reducing the usage of the insecticides, and the potential to contribution to natural enemy conservation, the risks associated with the growing of *Bt* crops were their potential effects on non-target organisms and evolution of resistance to *Bt* crops by target insects. In present study, four types of transgenic insect-resistant *Bt* rice that included transgenic *cry1Ab* gene *japonica* rice (KMD1 and KMD2) and their control KCK (XS11), transgenic *cry1Ab/vip3H* gene *japonica* rice (G6H1) and non-*Bt* control XS110 (XS110), and transgenic *cry1C* or *cry2A* gene *indica* varieties (T2A-1 and T1C-19) and their parental control MH63 were used to assess their effects on the arthropod community, brown planthopper (*Nilaparvata lugens*), white-backed planthopper (*Sogatella furcifera*), and *Pardosa pseudoannulata* to confirm whether genetically modified rice could affect the performance of non-target organisms under laboratory and field conditions. These results were as follows:

### 1 Effect of four kinds of *Bt* rice lines on arthropod community in the paddy fields

A 5-yr experiment was conducted to assess the impacts of four kinds of *Bt* rice lines on the arthropod community during 2008-2012. The results showed that composition of each guild and their dominance distribution and density were similar between *Bt* rice and their corresponding control. The dominant groups of herbivores sub-communities were planthoppers and leafhoppers, while for parasitoids sub-communities, their dominant groups included braconidae, or two others from pteromalidae, ichneumonidae, encyrtidae, diapiidae, and mymaridae depending on the experiments sites, years and transgenic rice lines. Predator sub-communities not only included predatory insects such as dolichopodidae, empididae, *Cyrtorrhinus lividipennis*, and *Microvelia horvathi*, but also spiders like linyphiidae, theridiidae, tetragnathidae, and lycosidae. Furthermore, dominant groups of detritivorous sub-community include entomobryidae, isotomidae, and sminthuridae. Although the density and dominance of parasitic insects in *Bt* rice plots was

generally lower than that in the control, no significant difference was detected between them. Common community-indices (Species richness, Shannon-Wiener diversity index, Evenness index, and Simpson index) and their temporal dynamics were also not significantly affected by *Bt* rice in compared with these in the non-*Bt* rice plots. PRC analysis further supported that entire arthropod community between *Bt* and non-*Bt* rice plots was similar in most cases, although some significant differences were observed in some cases. In addition, density of species or groups with high species weights had also no consistent increase or decrease across the seasons. Based on these results, we can infer that our tested *Bt* rice lines had no negative impacts on the arthropod community in the paddy fields.

## **2 Effect of four kinds of *Bt* rice lines on herbivorous sub-community and dominant groups in the paddy fields**

The composition of herbivorous sub-communities was similar between *Bt* rice and their control. Population dynamics of planthoppers, leafhoppers, chloropidae, and ephydriidae were not significantly affected by *Bt* rice. In addition, there were no significant difference between *Bt* and non-*Bt* rice plots in terms of seasonal density and population dynamics of adults and nymphs of white-backed planthopper, brown planthopper, and green rice leafhopper in most cases, although density was significantly higher or lower at several sampling dates. In general, *Bt* rice had no significant effects on the non-target herbivores sub-communities and dominant groups, although density of planthoppers or leafhoppers were significantly higher or lower in *Bt* rice than the control.

## **3 Effect of four kinds of *Bt* rice lines on parasitoids sub-community and dominant groups in the paddy fields**

The composition of parasitoids sub-communities was similar between *Bt* rice and their controls. Population dynamics of dominant groups (except only braconidae) were not significantly affected by transgenic *Bt* rice. However, density of braconidae in *Bt* rice plots was significantly lower than that in the control.

## **4 Effect of four kinds of *Bt* rice lines on insect predators sub-community and dominant groups in the paddy fields**

The composition of insect predator sub-communities was similar between *Bt* rice and their controls and dominant groups were dolichopodidae, empididae, *Cyrtorhinus lividipennis*, and

*Microvelia horvathi*. Population dynamics of dominant groups have no significant difference between *Bt* rice and the control in most cases, however, there was significant difference at several sampling dates. In conclusion, *Bt* rice has no negative impacts on the composition and density of insect predators in the paddy fields

#### **5 Effect of four kinds of *Bt* rice lines on spiders sub-community and dominant groups in the paddy fields**

The composition of spider sub-communities and seasonal density and population dynamics of each species were similar between *Bt* rice and the control plots. Dominant species of spider sub-communities were *pardosa pseudoannulata*, *oedothorax insecticeps* Boes. et str., *theridonn octomacutatum* Boes.et str., and *tetragnatha maxillosa* Thoren. Common arthropod community indices (Species richness, Shannon-Wiener diversity index, Evenness index, and Simpson index) and their temporal dynamics were also not significantly affected by *Bt* rice compared with these in non-*Bt* rice plots. PRC analysis further supported that entire spider sub-communities between *Bt* and non-*Bt* rice plots was very similar in most cases, although some significant differences were detected sometimes. In addition, density of species with high species weights had also no consistent increase or decrease. In conclusion, these tested *Bt* rice lines had no negative impacts on the spider sub-community in the paddy fields.

#### **6 Effect of four kinds of *Bt* rice lines on detritivorous sub-community and dominant groups in the paddy fields**

The composition of detritivorous sub-communities was similar between *Bt* rice and their controls and dominant groups were entomobryidae, isotomidae, and sminthuridae. Population dynamics of dominant groups have no significant difference between *Bt* rice and the control in most cases, however, there was significant difference at several sampling dates. In a word, *Bt* rice has no negative impacts on the composition and density of detritivorous sub-communities in the paddy fields.

#### **7 Effects of transgenic *cry1C* or *cry2A* rice on the brown planthopper and transgenic *cry1Ab/vip3H* rice on the white-backed planthopper in terms of fitness parameters and quantification of honeydew production**

Impacts of transgenic *cry1Ab/vip3H* rice on the white-back planthopper and transgenic *cry1C* or *cry2A* on the brown planthopper were assessed in terms of development duration, fecundity,

and honeydew production under laboratory conditions. The laboratory results showed that development duration of *Sogatella furcifera* whole nymph reared on transgenic *cry1Ab/vip3H* rice were significantly shorter than that in the control. However, survival rate of nymphs and fecundity of adult females were similar between transgenic *cry1Ab/vip3H* rice and control. In addition, quantification of honeydew produced by *S. furcifera* female fed on transgenic rice was also significantly higher than that in the control. Transgenic *cry1C* or *cry2A* rice did not affect the performance of brown planthopper in terms of biological parameters and honeydew production. In general, impacts of *Bt* rice on the planthoppers depended on the kinds of inserted gene, rice varieties, and tested insect species. Furthermore, our tested *Bt* rice lines will not result in higher population of non-target herbivores.

#### **8 Effects of transgenic *cry1Ab/vip3H*, *cry1C*, and *cry2A* rice on *Pardosa pseudoannulata* in terms of survival, development and fresh weights**

Effects of transgenic *cry1Ab/vip3H*, *cry1C* or *cry2A* rice and their respective controls on development, survival and fresh weight of newly emerged adults of *Pardosa pseudoannulata* were carried out under laboratory conditions. The results showed that *Bt* toxin could be transferred through rice-planthoppers-spiders, the concentration of *Bt* toxin was highest in rice plants, secondly by planthoppers, and the amount in spiders was lowest. In addition, development duration of 2<sup>nd</sup> and 4<sup>th</sup> instar was affected by the transgenic *cry1Ab/vip3H* rice. However, development duration of 2<sup>nd</sup> to adults, survival, and weights of newly emerged female or male adults were similar between transgenic *cry1Ab/vip3H* rice and non-*Bt* rice plants. Furthermore, survival rate of *P. pseudoannulata* fed on T1C-19 plants-fed brown planthopper nymphs was higher than that in T2A-1 and MH63, although the survival rate was similar between T2A-1 and MH63. Development duration of 2<sup>nd</sup> instar to adults and fresh weights of newly emerged female or male adults were also similar between transgenic *cry1C* or *cry2A* and non-*Bt* rice plants except development duration of 2<sup>nd</sup> and 3<sup>rd</sup> instar nymphs. Overall, the tested *Bt* rice had no negative effects on the performance of *P. pseudoannulata*.

**Keywords:** *Bt* rice, *cry1Ab* gene, *cry1Ab/vip3H* gene, *cry1C* gene, *cry2A* gene, risk assessment, arthropods, non-target herbivores, insect predators, spiders, detritivorous insects, parasitic wasps, PRC, *Sogatella furcifera*, *Nilaparvata lugens*, *Nephotettix cincticeps*, *Cyrtorhinus lividipennis*, *Pardosa pseudoannulata*, *Oedothorax insecticeps* Boes. et str., *Theridion octomaculatum* Boes. et str.

str., *Tetragnatha maxillosa* Thoren, population density, community structure, biological parameters, fecundity, honeydew

## 目录

致谢 .....	I
中文摘要 .....	I
Abstract .....	IV
目录 .....	i
前言 .....	1
第一章 文献综述 .....	1
1 转 <i>Bt</i> 基因水稻的研究概况 .....	2
2 转基因抗虫作物的生态安全性研究进展 .....	4
2.1 靶标害虫抗性的产生和治理 .....	4
2.2 <i>Bt</i> 作物对非靶标生物的影响 .....	6
2.2.1 生物多样性 .....	6
2.2.2 自然天敌 .....	7
2.2.3 非靶标植食者 .....	9
2.2.4 经济昆虫或其他有益昆虫 .....	11
2.2.5 土壤生物 .....	13
2.3 基因漂移 .....	14
2.4 食品安全 .....	16
3 展望 .....	17
第二章 材料和方法 .....	20
1 供试水稻材料 .....	20
2 试验地点和栽培管理 .....	20
2.1 试验地点 .....	20
2.2 田间种植和小区设计 .....	21
3 取样和鉴定 .....	21
3.1 吸虫器取样 .....	21
3.2 分类和鉴定 .....	22
4 功能团的划分 .....	22
5 数据分析 .....	22
第三章 四类转基因抗虫水稻对稻田节肢动物群落结构的影响 .....	25
1 材料和方法 .....	26
2 结果 .....	26
2.1 节肢动物功能团类群组成、密度及优势度 .....	26
2.1.1 转 <i>cry1Ab</i> 基因粳稻 .....	26
2.1.2 转 <i>cry1Ab/vip3H</i> 基因粳稻 .....	28
2.1.3 转 <i>cry1c</i> 或 <i>cry2A</i> 基因籼稻 .....	30
2.2 节肢动物群落参数动态 .....	32

2.2.1 转 <i>cry1Ab</i> 基因粳稻 .....	32
2.2.2 转 <i>cry1Ab/vip3H</i> 基因粳稻 .....	34
2.2.3 转 <i>cry1c</i> 或 <i>cry2A</i> 基因籼稻 .....	35
2.3 节肢动物对 <i>Bt</i> 水稻的整体响应分析 .....	36
2.3.1 转 <i>cry1Ab</i> 基因粳稻 .....	36
2.3.2 转 <i>cry1Ab/vip3H</i> 基因粳稻 .....	44
2.3.3 转 <i>cry1c</i> 或 <i>cry2A</i> 基因籼稻 .....	49
3 讨论 .....	52
第四章 四类转基因抗虫水稻对非靶标植食性昆虫亚群落及其优势类群数量动态的影响 ...	88
1 材料和方法 .....	89
2 结果 .....	89
2.1 非靶标植食性昆虫亚群落类群的组成及其优势度 .....	89
2.1.1 转 <i>cry1Ab</i> 基因粳稻 .....	89
2.1.2 转 <i>cry1Ab/vip3H</i> 基因粳稻 .....	89
2.1.3 转 <i>cry1C</i> 或 <i>cry2A</i> 基因籼稻 .....	89
2.2 优势类群的组成及密度的时间动态 .....	90
2.2.1 秆蝇科和水蝇科密度的时间动态 .....	90
2.2.2 飞虱和叶蝉类组成与密度的时间动态 .....	90
2.3 常见优势种群的密度及时间动态 .....	91
2.3.1 转 <i>cry1Ab</i> 基因粳稻 .....	91
2.3.2 转 <i>cry1Ab/vip3H</i> 基因粳稻 .....	92
2.3.3 转 <i>cry1C</i> 或 <i>cry2A</i> 基因籼稻 .....	94
3 讨论 .....	95
第五章 四类转基因抗虫水稻对寄生性昆虫亚群落及其优势类群数量动态的影响 .....	122
1 材料和方法 .....	123
2 结果 .....	123
2.1 寄生性昆虫亚群落类群的组成及其优势度 .....	123
2.1.1 转 <i>cry1Ab</i> 基因粳稻 .....	123
2.1.2 转 <i>cry1Ab/vip3H</i> 基因粳稻 .....	123
2.1.3 转 <i>cry1C</i> 或 <i>cry2A</i> 基因籼稻 .....	124
2.2 常见优势种群类群密度的时间动态 .....	124
2.2.1 转 <i>cry1Ab</i> 基因粳稻 .....	124
2.2.2 转 <i>cry1Ab/vip3H</i> 基因粳稻 .....	125
2.2.3 转 <i>cry1C</i> 或 <i>cry2A</i> 基因籼稻 .....	125
3 讨论 .....	125
第六章 四类转基因抗虫水稻对捕食性昆虫亚群落及其优势类群数量动态的影响 .....	137
1 材料和方法 .....	137

2 结果 .....	137
2.1 非靶标捕食性昆虫亚群落类群的组成及其优势度 .....	137
2.1.1 转 <i>cry1Ab</i> 基因粳稻 .....	137
2.1.2 转 <i>cry1Ab/vip3H</i> 基因粳稻 .....	138
2.1.3 转 <i>cry1C</i> 或 <i>cry2A</i> 基因籼稻 .....	138
2.2 常见优势种群类群密度的时间动态 .....	139
2.2.1 转 <i>cry1Ab</i> 基因粳稻 .....	139
2.2.2 转 <i>cry1Ab/vip3H</i> 基因粳稻 .....	139
2.2.3 转 <i>cry1C</i> 或 <i>cry2A</i> 基因籼稻 .....	139
3 讨论 .....	139
第七章 四类转基因抗虫水稻对蜘蛛亚群落及其优势种群数量动态的影响 .....	151
1 材料和方法 .....	151
2 结果 .....	151
2.1 蜘蛛亚群落的组成及其优势种类密度的时间动态 .....	151
2.1.1 转 <i>cry1Ab</i> 基因粳稻 .....	151
2.1.2 转 <i>cry1Ab/vip3H</i> 基因粳稻 .....	152
2.1.3 转 <i>cry1C</i> 或 <i>cry2A</i> 基因籼稻 .....	152
2.2 蜘蛛亚群落群落结构参数 .....	153
2.2.1 转 <i>cry1Ab</i> 基因粳稻 .....	153
2.2.2 转 <i>cry1Ab/vip3H</i> 基因粳稻 .....	154
2.2.3 转 <i>cry1C</i> 或 <i>cry2A</i> 基因籼稻 .....	154
2.3 蜘蛛亚群落的 PRC 分析 .....	156
2.3.1 转 <i>cry1Ab</i> 基因粳稻 .....	156
2.3.2 转 <i>cry1Ab/vip3H</i> 基因粳稻 .....	159
2.3.3 转 <i>cry1C</i> 或 <i>cry2A</i> 基因籼稻 .....	163
3 讨论 .....	167
第八章 四类转基因抗虫水稻对腐食类亚群落及其优势类群数量动态的影响 .....	179
1 材料和方法 .....	179
2 结果 .....	179
2.1 非靶标腐食类亚群落类群的组成及其优势度 .....	179
2.1.1 转 <i>cry1Ab</i> 基因粳稻 .....	179
2.1.2 转 <i>cry1Ab/vip3H</i> 基因粳稻 .....	180
2.1.3 转 <i>cry1C</i> 或 <i>cry2A</i> 基因籼稻 .....	180
2.2 常见优势种群类群密度的时间动态 .....	180
2.2.1 转 <i>cry1Ab</i> 基因粳稻 .....	180
2.2.2 转 <i>cry1Ab/vip3H</i> 基因粳稻 .....	180
2.2.3 转 <i>cry1C</i> 或 <i>cry2A</i> 基因籼稻 .....	181
3 讨论 .....	181
第九章 <i>Bt</i> 水稻对非靶标害虫-褐飞虱和白背飞虱生长发育与繁殖的影响 .....	193

1 材料和方法 .....	193
2 结果 .....	194
2.1 <i>Bt</i> 水稻对飞虱存活、生长、发育和繁殖的影响 .....	194
2.1.1 转 <i>cry1Ab/vip3H</i> 对白背飞虱生物学参数的影响 .....	194
2.1.2 转 <i>cry1C</i> 或 <i>cry2A</i> 水稻对褐飞虱生物学参数的影响 .....	197
2.2 蜜露量 .....	202
3 讨论 .....	202
第十章 <i>Bt</i> 水稻对拟环纹豹蛛生长发育的影响 .....	204
1 材料和方法 .....	204
1.1 供试水稻 .....	204
1.2 猎物的饲养 .....	204
1.3 供试蜘蛛 .....	204
1.4 <i>Bt</i> 蛋白在转基因籼稻 T1C-19 和 T2A-1 的时空表达规律 .....	204
1.5 <i>Bt</i> 蛋白在三级营养关系中的传递规律的测定 .....	205
1.6 <i>Bt</i> 水稻对拟环纹豹蛛生长发育和体重的影响 .....	205
1.7 数据分析 .....	205
2 结果 .....	205
2.1 <i>Bt</i> 蛋白在转基因籼稻 T1C-19 和 T2A-1 及其对照 MH63 的时空表达规律 .....	205
2.2 <i>Bt</i> 蛋白在三级营养关系中的传递规律 .....	207
2.3 <i>Bt</i> 水稻对拟环纹豹蛛存活率、生长发育和体重的影响 .....	208
2.3.1 转 <i>cry1Ab/vip3H</i> 水稻和拟环纹豹蛛 .....	208
2.3.2 转 <i>cry1C</i> 或 <i>cry2A</i> 水稻和拟环纹豹蛛 .....	209
3 讨论 .....	211
第十一章 总讨论 .....	213
参考文献 .....	218

## 前言

1996年,美国批准 *Bt* 棉花、*Bt* 玉米和 *Bt* 马铃薯进行商业化种植。此后,转基因作物获得巨大的成功,转基因作物的种植面积也已经从最初的 170 万公顷,增加到 2012 年的 1.7 亿公顷,增长了约 100 倍,其中中国种植了 400 万公顷的 *Bt* 棉花,采用率达到 80%。转基因作物的广泛种植对全球的粮食安全、可持续发展和气候变化作出了重要贡献:从 1996 年到 2011 年增加了价值 982 亿美元的农作物产量、节省了 4.73 亿公顷的杀虫剂、2011 年减少 231 亿公斤二氧化碳的排放及保护了生物多样性 (James 2012)。

水稻是世界上最主要的粮食作物之一,全球一半以上的人口以稻米为主要的食物来源,据统计,全世界有 122 个国家种植水稻,栽培面积常年在 1.40 亿-1.57 亿  $\text{hm}^2$ , 90% 左右集中在亚洲(程式华和李建 2007),到 2030 年,粮食产量必须增加 40% 才能满足全球 50 亿人口的需求(Khush 2005)。然而水稻上害虫的频繁严重发生是水稻生产的一个严重障碍,我国每年因虫害造成的的稻谷产量损失通常为 15%-25% (程式华和李建 2007),而且每年水稻螟虫的发生面积在 1500 万  $\text{hm}^2$ , 总经济损失在 115 亿人民币左右(盛承发等. 2003)。当前我国水稻螟虫的防治主要依靠杀虫剂,但是由于害虫抗药性的产生和水稻害虫本身的危害特点,传统的防治方法耗时、耗人力和耗财力,同时化学农药破坏生物多样性,造成次要害虫的爆发和农药残留等。*Bt* 水稻的培育不仅可以有效控制螟虫的为害,而且可以保护生物多样性,增强稻田生态系统中自然天敌对害虫种群的调节,达到既能够控制害虫的发生和为害,又可以保护生态环境(Chen et al. 2011)。

*Bt* 作物的广泛种植具有良好的经济效益和社会效益,然而转基因作物所带来的风险也在不断争论。目前,转基因作物中转入的基因主要是 *cry1A* 系列和 *cry3B* 系列,前人的研究结果表明 *Bt* 作物对非靶标生物没有负面的影响(Shelton et al. 2002, Romeis et al. 2006, Marvier et al. 2007, Wolfenbarger et al. 2008, Naranjo 2009, Chen et al. 2011),但是许多昆虫在室内筛选的条件下能够对 *Bt* 蛋白产生抗性,而且有两种昆虫对 *Bt* 制剂和至少六种昆虫在田间对 *Bt* 作物已经产生抗性(Carriere et al. 2010, Tabashnik et al. 2011)。

*Cry1C* 蛋白、*Cry2A* 蛋白同 *Cry1A* 蛋白具有较低的序列同源性,在水稻螟虫和卷叶螟的中肠细胞膜上没有共同的结合位点(Karim and Dean 2000, Alcantara et al. 2004, Chen et al. 2005)。转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因的 T1C-19 或 T2A-1 水稻在中国得到培育,对二化螟 (*Chilo suppressalis* (Walker))、三化螟 (*Tryporyza incertulas*(walker)) 和稻纵卷叶螟 (*Cnaphalocrocis medinalis* Guené) 具有很高的抗性(Chen et al. 2005, Tang et al. 2006, Chen et al. 2008, Xu et al.

2011, Zheng et al. 2011)。

VIP 即营养期杀虫蛋白是苏云金芽孢杆菌在营养生长期分泌的一种蛋白(Estruch et al. 1996), 在靶标害虫的中肠上和 Cry1A 系列蛋白具有不同的结合位点(Lee et al. 2003), 对鳞翅目昆虫小地老虎 (*Agrotis ipsilon*)、草地贪夜蛾 (*Spodoptera frugiperda*)、甜菜夜蛾 (*Spodoptera exigua*)、烟芽夜蛾 (*Heliothis virescens*)、和玉米夜蛾 (*Helicoverpa zea*) 具有较高的杀虫活性(Estruch et al. 1996), 并且和现在广泛使用的 Cry 杀虫蛋白没有交互抗性(Lee et al. 2006, Jackson et al. 2007)。另外, 表达 VIP 和 Cry1 蛋白的玉米和棉花也已经得到培育(Dively 2005, Whitehouse et al. 2007)。转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻在田间和室内条件下, 对大螟 (*Sesamia inferens* (Walker)) 和二化螟具有较高的抗性, 同时对褐飞虱(*Nilaparvata lugens* Stål)的种群密度没有影响(Fang 2008, Chen et al. 2010, 陈洋等. 2011)。

根据转基因作物评价中的个案分析原则 (Case by Case)。本文以转 *Bt* 基因的四类抗虫转基因水稻为材料, 即转 *cry1Ab* 基因粳稻品种 KMD1 和 KMD2 及其对照 KCK (XS11)、转 *cry1Ab/vip3H* 基因的粳稻品种 G6H11 及其对照 XS110 (XS110)、转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因的籼稻品种 T1C-19、T2A-1 及其亲本对照 MH63, 以 *Bt* 水稻-害虫-天敌为模式, 采用真空吸尘器取样, 结合室内和田间的研究, 在评价 *Bt* 水稻对稻田节肢动物群落影响的基础上, 选取节肢动物中的优势种类: 非靶标植食者-褐飞虱和白背飞虱(*Sogatella furcifera* Horváth)以及重要的捕食性天敌-拟环纹豹蛛(*Pardosa pseudoannulata* Boes. & Strand), 以探明 *Bt* 水稻和对照田之间节肢动物类群的种群变化和发生规律; 探明 *Bt* 水稻能否对非靶标植食者产生负面影响; 探明 *Bt* 水稻对自然天敌的生长发育、存活、繁殖和捕食能力的影响, 明确 *Bt* 水稻和生物防治能否共存, 共同纳入害虫综合治理的框架之内。最终为转基因水稻的商业化种植提供技术上的储备和理论上的支撑。

## 第一章 文献综述

水稻是世界上最主要的粮食作物之一,超过 30 亿的人口以稻米为食物,2011 年中国水稻种植的面积达到 3 千万公顷,产量达到 2 亿吨 (FAO 2013)。世界人口也在持续不断的增长,到 2030 年,粮食产量必须增加 40%才能满足 50 亿人口的需求(Khush 2005)。然而水稻上的病虫害特别是害虫如二化螟、三化螟、大螟、稻纵卷叶螟以及近年来发生的褐飞虱和白背飞虱严重限制了水稻产量的增加,威胁着我国的粮食安全。盛承发等(2003)估计水稻螟虫危害造成的稻谷年均损失在全国大概为 3.1%,相当于 65 亿元人民币,且每年的防治费用大概有 50 亿人民币,总的经济损失在 115 亿元人民币左右(盛承发等,2003)。对于水稻螟虫的防治,当前主要依靠化学防治,农药可以在一定程度控制水稻螟虫的为害,增加粮食的产量,但是由于水稻螟虫的生物学特性和螟虫抗药性的产生,广谱农药的使用不仅破坏了自然天敌的控制作用,导致次要害虫的爆发,也造成农药残留,污染环境和危害公众健康。

苏云金芽孢杆菌 (*Bacillus thuringiensis*, *Bt*) 是一种革兰氏阳性细菌,它可以产生晶体蛋白,这种 *Bt* 蛋白可以同靶标昆虫中肠细胞膜的受体结合,经过一系列的过程最终导致昆虫的死亡。它具有专一性强、效果好、对环境友好以及对人畜安全等特点,因此 *Bt* 成为转基因作物的首选材料。自从 1989 年,杨虹等采用聚乙二醇的方法把 *Bt* 基因导入到水稻品种台北 309 中,获得世界上第一列转 *Bt* 基因的粳稻以来(杨虹等,1989),国内外的很多课题组和单位也开展了相关的研究,目前已经获得很多转 *Bt* 基因的水稻材料品系(Fujimoto et al. 1993, High et al. 2004, Cohen et al. 2008, Fang 2008, Chen et al. 2010, Chen et al. 2011),这些水稻材料在室内和田间条件下对螟虫具有较高的抗性(Shu et al. 2000, Tu et al. 2000, Ye et al. 2001a, Ye et al. 2001b, Ye et al. 2003, Chen et al. 2008, Chen et al. 2010)。其中有些材料已经进入生产性试验阶段(Huang et al. 2005)。中国转基因水稻的田间试验开始于 1998 年,2009 年农业部给两种转 *cry1Ab/cry1Ac* 基因的水稻品种“华恢 1 号”和“汕优 63”颁发安全证书,允许其在湖北省进行为期 5 年的生产安全性试验 (MAPC 2009)。

2012 年全球转基因作物的种植面积达到 1.7 亿公顷,比 1996 增加了 100 倍,中国种植了 400 万公顷的 *Bt* 棉花,占我国棉花种植总面积的 80% (James 2012)。转基因作物的广泛种植在控制靶标害虫危害的同时,也带来巨大的经济效益,如 2012 年 *Bt* 棉花的种植使中国和印度的农民每公顷能增加 250 美元的收入(James 2012),这些转基因作物同样可以减少农药的使用量,保护生态环境,而且可以保护自然天敌 (Shelton et al. 2002, Huang et al. 2005, Naranjo 2005a, Wu et al. 2008, Hutchison et al. 2010, Lu et al. 2012)。 *Bt* 水稻如果种植之后,可

以减少 80% 的杀虫剂使用量, 水稻的产量可以增加 6%-9%, 而且可以减少或者减轻农药对农民健康的不利影响(Huang et al. 2005)。

尽管 *Bt* 作物的种植可以有很多的优点, 但是科学技术是一把双刃剑, 关于转基因作物风险的争论也持续不断, 争论的焦点主要集中在以下几个方面: 靶标害虫抗性的产生、对生物多样性和非靶标生物的影响、基因漂移和食品安全等方面。

## 1 转 *Bt* 基因水稻的研究概况

现代分子生物学技术和转基因技术的发展以及新的抗虫基因的发掘为转基因水稻的培育提供了良好的技术支持和材料支撑。自从 1989 年, 杨虹等采用聚乙二醇的方法把 *Bt* 基因导入到水稻品种台北 309 中, 获得世界上第一列转 *Bt* 基因的粳稻以来 (杨虹等. 1989), 越来越多的转 *Bt* 基因水稻品系包括粳稻和籼稻品种得到培育(Fujimoto et al. 1993, High et al. 2004, Cohen et al. 2008, Chen et al. 2011)。转入的 *Bt* 基因主要采用基因枪法或农杆菌介导法导入, 由 *CaMV35S*、*ubiquitin* 和 *actin* 等启动子驱动。由于害虫极容易对单个 *cry* 基因产生抗性, 因此转入的 *Bt* 基因也有原来的 *cry1Ab*、*cry1Ac*、*cry1Ab/cry1Ac* 到新的 *Bt* 基因 *cry1C*、*cry2A* 或营养期杀虫蛋白基因 *vip3H* 或同其他来源的蛋白酶抑制剂基因如 *CpTI* 进行聚合来克服害虫的抗性。随着生物技术和公众对食品安全的担心, 组织特异性表达的转基因水稻也已经得到培育(表 1.1)。

所培育的转基因水稻材料在室内和田间条件下对水稻螟虫如二化螟、三化螟、大螟和稻纵卷叶螟等一种或者几种鳞翅目害虫具有较高的致死效应(High et al. 2004, Cohen et al. 2008, Chen et al. 2011)。中国的转基因水稻田间试验开始于 1998 年(Shu et al. 2000, Tu et al. 2000, Ye et al. 2001a, b)。2009 年, 农业部为华中农业大学所培育的两种转基因水稻发放安全证书, 允许其在湖北省进行为期 5 年的生产性试验, 此举标志着转基因抗虫水稻离商业化更进一步, 同时预示着中国极有可能成为第一个商业化种植 *Bt* 水稻的国家(James 2009, MAPC 2009)。

表 1.1 已获得的转 *Bt* 基因水稻

Table 1.1 Transgenic *Bt* rice have been successfully transformed

基因 Transgene	启动子 Promoter	栽培品种 Cultivar	参考文献 References
<i>Bt</i>		Taibei309	杨虹等. 1989
<i>Bt</i>		Zhonghua 11	谢道昕等. 1991
<i>cry1Ab</i>	叶绿素 a/b 蛋白	Nippobare	Fujimoto et al. 1993
<i>cry1Ab</i>	CaMV35S	IR58	Wünn et al. 1996
<i>cry1Ab</i>	PEPC	Tarom molaii	Ghareyazie et al. 1997

基因 Transgene	启动子 Promoter	栽培品种 Cultivar	参考文献 References
<i>cry1Ab, cry1Ac</i>	Ubiquitin	IR64	Nayak et al. 1997
<i>cry1Ab</i>	CaMV35S	Taipei-309	Wu et al. 1997
<i>cry1Ab</i>	CaMV35S	Vaidehi, TCA-48	Alam et al. 1998
<i>cry1Ac</i>	Ubiquitin	Kaybonnet, Nipponbare, Zhong8215, 93VA,	Cheng et al. 1998
<i>cry1Ab</i>		ZAU16, 91RM, T8340, Pin92-825, T90502	
<i>cry1Ab</i>	CaMV35S, Actin-1,pith tissue-specific, PEPC	IR72, IR64, CB11, Taipai-309, IR68899B, Vaideh, MH-63-63, IR51500-AC11, IRRI-npt	Datta et al. 1998
<i>cry2A</i>	CaMV35S	Basmati 370, M 7	Maqbool et al. 1998
<i>cry1Ab</i>	CaMV35S	IR68899B	Alam et al. 1999
<i>cry1B</i>	Ubiquitin	Ariete, Senia CMS restorer	Breitler et al. 2000
<i>cry1Ab/cry1Ac</i>	Actin	Minhui 63, Shanyou 63	Tu et al. 2000
<i>cry1Ab</i>	Ubiquitin	KMD1, KMD2	Shu et al. 2000
<i>cry1B</i>	Maize proteinase inhibitor	Ariete,	Breitler et al. 2001
<i>Cry1Ac, cry2A</i> Snowdrop lectin gene	Ubiquitin, CaMV35S	M 7, Basmati 370	Maqbool et al. 2001
<i>cry1Ac</i>	Ubiquitin	Basmati 370	Ahmad et al. 2002
<i>cry1Ab</i>	Pollen-specific, Ubiquitin, PEPC	Basmati 370	Husnain et al. 2002
<i>cry1Ac</i>	Ubiquitin	IR64, Pusa Basmati-1, Karnal Local	Khanna and Raina 2002
<i>cry1Ac</i>	Ubiquitin	Elite Eyi 105, Bengal	Loc et al. 2002
<i>cry1Ac+CpTI</i>	Actin 1	MingHui 86	Zhao et al. 2004
<i>Cry1Ac, cry2A</i>	Ubiquitin CaMV35S	Basmati 370	Bashir et al. 2005
<i>cry2A</i>	Ubiquitin CaMV35S	Minghui 63	Chen et al. 2005

基因 Transgene	启动子 Promoter	栽培品种 Cultivar	参考文献 References
<i>cry1Ab/vip3H+G6-epsps</i>	Ubiquitin	XS110	Fang 2008
<i>cry1Ab-1B</i>	Actin	Pusa Basmati 1	Ho et al. 2006
<i>cry1A/cry1Ac</i>	CaMV35S	Tainung 67	
<i>cry1C</i>	Ubiquitin	Minghui 63	Tang et al. 2006
	CaMV35S		
<i>cry1Ab</i>	Ubiquitin CaMV35S	P - I ,P - II , P-III	Kim et al. 2008
<i>cry1C</i>	rice <i>rbcs</i> promoter	Zhonghua 11	Ye et al. 2009
<i>cry1Ab/cry1C</i>		Sex Crossing	Yang et al. 2011
<i>cry1Ab/cry2A</i>		between different	
<i>cry1Ac/cry1C</i>		transgenic rice	
<i>cry1Ac/cry2A</i>		lines containing	
<i>cry1C/cry2A</i>		single- <i>Bt</i> gene	

## 2 转基因抗虫作物的生态安全性研究进展

自从 1996 年, 转基因作物商业化以来, 转基因作物的种植面积快速增长, 2012 年的种植面积是 1996 年的 100 倍, 一方面显示了其巨大的经济效益和社会效益, 另一方面转基因技术也不可避免的引起公众的很多担忧。目前转基因作物的安全性评价主要集中在两个方面, 一方面是对生态环境的影响, 另一个是食品安全的问题。生态环境方面的内容主要包括: 靶标害虫能否产生抗性; *Bt* 作物能否对非靶标生物产生不利影响。由于水稻是主要的粮食作物, 食品安全的问题更是引起公众的担忧, 对于食品安全的评价主要是基于实质等同性的原则。下面将上述两方面的相关进展总结如下:

### 2.1 靶标害虫抗性的产生和治理

*Bt* 水稻所针对的靶标害虫主要是二化螟、三化螟、大螟和稻纵卷叶螟。转基因水稻所表达的 *Bt* 毒蛋白和其他的化学农药一样, 长期大量的使用可能对靶标害虫产生较高的选择压, 靶标害虫在高的选择压力之下可能产生适应性的进化, 进而对 *Bt* 作物产生抗性, 最后导致 *Bt* 作物的失效。自从 1985 年, McGaughey 通过室内筛选的方法, 在世界上首次报道印度谷螟(*Plodia interpunctella* Hübner)对 *Bt* 制剂产生抗性(McGaughey 1985), 随后 1990 年小菜蛾(*Plutella xylostella* L.)首次在田间条件下发现对 *Bt* 制剂产生抗性(Tabashnik et al. 1990)以来, 许多昆虫在室内筛选的条件下对 *Bt* 蛋白产生抗性, 而且有两种昆虫对 *Bt* 制剂和至少六种昆虫对 *Bt* 作物已经产生抗性(Ferre and Van Rie 2002, Franklin et al. 2009, Kruger et al.

2009, Tabashnik et al. 2009, Carriere et al. 2010, Storer et al. 2010, Dhurua and Gujar 2011, Gassmann et al. 2011, Sanahuja et al. 2011, Tabashnik et al. 2011, Gassmann 2012)。害虫抗性产生的机理主要是由于昆虫中肠细胞上受体(钙粘蛋白、碱性磷酸酶、APN 和 ABC 转运体分子)的突变造成的(Bravo et al. 2011)。

为了延缓害虫抗性的产生,目前已经提出了多个害虫抗性治理的策略(Shelton et al. 2002, Bates et al. 2005),其中最广泛应用的是高剂量/庇护所策略和基因聚合策略。高剂量/庇护所策略主要在北美和澳大利亚得到广泛的应用(Huang et al. 2011),由于我国是小农经济,作物种植规模小而分散,庇护所策略很难实行,因此我国 *Bt* 棉花上主要是采用其他天然的作物如大豆和花生等作为庇护所,这种模式在我国证明是非常成功的,不仅减少了棉铃虫 (*Helicoverpa armigera* Hübner)对 *Bt* 棉花的危害也间接减少了对其他作物的为害,取得了双赢的效果(Wu and Guo 2005, Wu et al. 2008)。但是对 *Bt* 水稻来说,高剂量/庇护所策略可能并不适用,一方面是因为小农户的种植模式,不像美国和澳大利亚一样可以强制设置一定比例的非转基因作物作为庇护所,而且水稻上主要靶标害虫的寄主范围比较窄,田间调查发现在水稻种植的区域内也没有足够的其他作物可以提供庇护所(Cuong and Cohen 2002, Cohen et al. 2008),虽然有报道说茭白 (*Zizania latifolia* (Poaceae)) 可以作为替代寄主,然而茭白和水稻饲养的二化螟之间存在着生殖隔离(Hachiya 1981, Konno and Tabaka 1996),同时三化螟是一种单食性的害虫,主要以水稻为食(Dale 1994);另一方面 *Bt* 蛋白的表达量不能够满足高剂量的要求,水稻不同生育期和组织表达量也不一致,一般来说在水稻生长后期比较低和叶片的表达量一般高于茎秆(Zhang et al. 2011),且不同地理纬度的靶标害虫对 *Bt* 蛋白的敏感性也不一样(Meng et al. 2003, Han et al. 2008)。

基因聚合策略即在同一个作物品种里表达两种或者几种没有交互抗性的 *Bt* 蛋白或者其他来源的抗虫基因。有研究表明种植含有两种 *Bt* 基因的作物能够比只表达一种的作物更能延缓害虫抗性的产生,但是如果两种类型的转基因作物同时种植反而会加快对基因聚合作物抗性的产生(Zhao et al. 2003, Zhao et al. 2005)。对水稻来说,以前常用的 *Bt* 基因主要是 *cry1Ab*、*cry1Ac* 和 *cry1Ab/cry1Ac*,有研究表明 *Cry1Ab* 蛋白与 *Cry1Ac* 蛋白之间存在交互抗性。因此,转 *cry1C*、*cry2A*、*cry1Ab/vip3H* 以及 *cry1Ab+CpTI* 基因的水稻得到培育(Zhao et al. 2004, Tang et al. 2006, Chen et al. 2008, Fang 2008)。另外,采用不同 *Bt* 基因聚合的水稻比单一 *Bt* 基因的水稻对二化螟具有更高的抗性(Yang et al. 2011)。因此,采用基因聚合策略对水稻害虫进行抗性治理是可以尝试的。

## 2.2 *Bt* 作物对非靶标生物的影响

稻田生态系统是一个以水稻为中心,节肢动物群落围绕着水稻而共存的系统,稻田节肢动物数量大,种类多,各种习性的节肢动物通过食物链的物质流和化学通讯的信息流而发生着相互关系并共存,在这个网络中,*Bt* 水稻引入到生态系统中,因其对第二营养层植食类鳞翅目昆虫如螟虫的高致死作用,以及本身物理物理性状、农艺性状、营养物质、挥发性和非挥发性次生化合物可能发生非预期的变化,即有可能对各营养层的各类节肢动物种类组成、数量与发生动态等产生非预期的影响,这些影响可能导致稻田节肢动物群落发生潜在的变化。另外,*Bt* 水稻的种植会减少化学农药的使用量,减轻对刺吸式口器类群飞虱和叶蝉的压力,可能导致次要害虫上升为主要害虫,同时农药使用量的减少也可以起到对自然天敌的保护作用,保护生物多样性。下面从生物多样性、自然天敌、非靶标植食者、经济昆虫和土壤生物等几个方面进行阐述。

### 2.2.1 生物多样性

生物群落是围绕水稻而相互依存的一个共同体。*Bt* 水稻的种植可能会对节肢动物群落产生影响。刘志诚等 2003 年通过两年四点的研究表明大多数情况下功能团的组成和分布在转 *cry1Ab/cry1Ac* 基因水稻品系 TT9-3、TT9-4 和对照 IR72 之间基本相似,除茧蜂科和姬蜂科以转基因稻田为低,而且节肢动物群落参数(物种丰富度、Shannon-Wiener 多样性指数、均匀度指数和优势集中性指数)及时间动态也无明显差异,总体来说 *Bt* 水稻对稻田节肢动物群落无明显的负面影响(刘志诚等. 2003)。然而,刘志诚等 2004 年的结果说明化学农药对稻田节肢动物群落的负面影响要大于 *Bt* 水稻(刘志诚等. 2004)。另外, Li et al. (2007)通过多年多转基因水稻品系的研究进一步表明转 *Bt* 基因水稻对稻田的节肢动物群落的影响是微乎其微的(Li et al. 2007)。对于其他的转基因作物来讲, Dively 2005 等通过 3 年 4 种不同的方法的调查在表达 *Vip3A* 和 *Cry1Ab* 蛋白玉米和对照田间共捕捉到 500,000 头节肢动物,隶属于 13 目 112 科,主要为食腐动物,结果发现转基因玉米田和对照田之间的非靶标节肢动物群落是相似的,化学农药对群落的干扰要大于转基因玉米,同样 *Cry1F* 玉米田和对照田的节肢动物种群数量也是相似的(Higgins et al. 2009)。Hagerty et al. 2005 的研究结果也表明 *Cry1Ac/Cry2Ab* 棉花田的捕食者的数量高于或等于对照田。Naranjo 通过 6 年的时间评价 *Cry1Ac* 棉花对 22 类自然天敌的影响,结果表明大部分的类群和对照之间没有差别,然而 5 类捕食类群显著性的低于对照,这些类群的降低可能同鳞翅目猎物降低有关,进一步的研究发现这些类群的降低并不会影响到它们所发挥的生态功能如寄生和捕食(Naranjo 2005a, b)。

Romeis 等通过对 50 个田间试验的总结发现, 尽管在取样方法、面积和试验持续的时间上有所不同, 但是结果表明农药可以显著的减少自然天敌的种群数量, *Bt* 作物和对照之间基本上没有差异(Romeis et al. 2006)。随着 *Bt* 作物对节肢动物群落影响研究的增加, 采用 Meta 分析的方法可以避免作者主观上对结果理解的偏差, Marvier 等采用 Meta 分析的方法对 42 个田间试验进行分析发现转 *Bt* 基因棉花和 *Bt* 玉米上的无脊椎动物的数量一般比施过农药的非转基因田块高, 但是和没有喷施农药的对照相比, 一些物种的数量反而较低(Marvier et al. 2007)。Wolfenbarger 等通过把节肢动物群落划分为五个功能团: 捕食者、寄生者、杂食者、腐食者和植食者, 分析 *Bt* 棉花、*Bt* 玉米以及 *Bt* 马铃薯对功能团所提供的生态功能的影响, 结果表明 *Bt* 作物对功能团的生态功能是没有影响的, 但是化学农药却能够显著的弱化他们的功能(Wolfenbarger et al. 2008), 同样的结果也在 Naranjo 的研究中得到验证(Naranjo 2009)。Lu et al. 2012 等通过 16 年全国 36 个点的研究发现随着转 *Bt* 基因棉花种植面积的增加和农药使用量的减少, 棉田的广谱性捕食者(瓢虫、蜘蛛和草蛉)数量在增加, 而且可以有效压制蚜虫种群的上升。

### 2.2.2 自然天敌

自然天敌主要包括捕食者和寄生类, 它们在农田生态系统中可以控制害虫种群数量上升到经济允许危害水平之上。转基因作物所表达的 *Bt* 蛋白长期和持续的存在生态系统当中, *Bt* 蛋白可能通过食物链的传递对自然天敌产生影响, 主要通过以下两种方式: 一种是直接影响, 主要是自然天敌通过直接取食或者寄生含有 *Bt* 蛋白的植物组织、花粉或猎物 and 寄主; 另一种是间接影响, 主要是猎物或者寄主的质量所导致的, 对 *Bt* 蛋白敏感的猎物或寄主一般体积小、发育迟缓、行动和营养成分上和健康的个体有所不同。那么, 这种变化可以影响到下一个营养层的生物如自然天敌(Romeis et al. 2006)。

当二化螟绒茧蜂 (*Apanteles chilonis* Munakata) 寄生对 Cry1Ab 蛋白敏感的二化螟幼虫时, 它的寄生率、结茧率、蜂蛹历期、雄蜂寿命以及蜂茧长度与寄生非转基因饲喂的二化螟之间存在显著差异(姜永厚等. 2004), 同样以转 *cry1Ab+sck* 水稻 MSB 饲喂的二化螟为寄主时, 二化螟绒茧蜂的寄生率、蜂和蛹的历期、所结茧的长度与对照也存在显著差异(姜永厚等. 2005)。然而, 当褐飞虱的卵优势寄生蜂-稻虱缨小蜂(*Anagrus nilparvatae* Pang et Wang) 寄生对 Cry1Ab 蛋白不敏感的褐飞虱时, 虽然可以在刚羽化的寄生蜂体内检测到 *Bt* 蛋白, 但是寄生蜂的生殖力、成虫寿命以及性比并没有受到转 *Bt* 基因抗虫水稻 KMD1 和 KMD2 的影响(Gao et al. 2010)。以上的结果可以看出, 寄主对 *Bt* 蛋白的敏感性以及寄主的质量会

对专性寄生蜂的某些生物学特性有所影响。为了克服由于敏感寄主可能产生的影响,可以在实验室内采用已经对 *Bt* 蛋白产生抗性的昆虫作为寄主。研究发现以对 *Bt* 蛋白产生抗性的小菜蛾为寄主时,菜蛾绒茧蜂(*Cotesia plutellae* (Kurdjumov))可以在抗性寄主上完成发育,寄生率、从寄主昆虫上出来的时间,从卵到成虫羽化的时间以及茧存活率、雌性后代的重量等指标在抗性寄主和对照之间没有差异(Schuler et al. 2003, Schuler et al. 2004), Chen et al. (2008)也说明以对 Cry1C 蛋白产生抗性的小菜蛾为寄主时,岛弯尾姬蜂(*Diadegma insulare* (Cresson))的寄生率和后代数量同样和对照之间没有显著差异,但是阳性对照即农药的处理却能够对这些参数产生显著的影响(Chen et al. 2008)。

寄生蜂对寄生的营养或者其他方面的变化比较敏感,特别是专性寄生蜂。但是,捕食者大部分都是广谱性的,当靶标害虫受到影响猎物不足时,可以取食对 *Bt* 蛋白不敏感的昆虫。稻田生态系统中,最主要的捕食者是黑肩绿盲蝽(*Cyrtorhinus lividipennis* Reuter)、龟纹瓢虫(*Propylaea japonica* Thunberg)和蜘蛛。Bernal et al. 2002 年的研究表明褐飞虱的蜜露中虽然可以检测到 *Bt* 毒蛋白,但是黑肩绿盲蝽的若虫期存活率和雌雄若虫发育历期却没有受到 *Bt* 水稻的影响,同样以取食 *Bt* 水稻的褐飞虱若虫为猎物时,虽然可以在褐飞虱成虫和若虫的体内检测到 *Bt* 蛋白,但是龟纹瓢虫的发育历期、化蛹率、羽化率以及蛹和成虫的重量和对照相比没有显著差别(Bai et al. 2006)。蜘蛛是稻田生态系统中的优势天敌,可以以多种猎物为食。虽然可以通过 ELISA 的方法检测到 *Bt* 蛋白在水稻-褐飞虱以及蜘蛛体内的传递,然而以取食 *Bt* 水稻饲养的褐飞虱若虫为猎物时,食虫瘤雄蛛(*Ummeliata insecticeps* Boes. et str.) (Tian et al. 2010)和拟环纹豹蛛(*Pardosa pseudoannulata* Bose. et Str. ) (Tian et al. 2012a)的若蛛存活率、生长发育、捕食能力和田间的种群动态和非转基因对照是相似的。拟水狼蛛(*Pirata subpiraticus* Boes. et str.) 以在 *Bt* 水稻上饲养的稻纵卷叶螟为食物时,它的生存率和产卵量没有受到影响,若蛛的发育历期却显著性延长,但是 3 年的田间种群动态监测说明 *Bt* 水稻和对照田之间的密度没有差异,并且拟水狼蛛的中肠上也没有发现 Cry1Ab 蛋白的受体(Chen et al. 2009)。同时, Liu 等田间的调查也表明 *Bt* 水稻和亲本对照之间的锥腹肖蛸、四斑锯螯蛛、拟环纹豹蛛和拟水狼蛛种群动态趋势相似,数量上大多无显著差异(刘志诚等, 2002)。上述的研究都是基于 *Bt* 蛋白可以通过猎物传递给捕食天敌,那么 Wang 等采用表达有 Cry2A 蛋白的花粉和纯的 Cry2A 毒蛋白来评价对中华通草蛉的直接影响,结果说明成虫的产卵前期、生殖力和成虫干重和对照没有不同(Wang et al. 2012)。

棉田和玉米生态系统中,瓢虫和草蛉是主要的捕食性天敌。*Bt* 蛋白对草蛉影响的研究是一个断发展的过程,1998 年 Hilbeck 等发现用 *Bt* 玉米饲养的棉贪夜蛾(*Spodoptera littoralis*)

或者欧洲玉米螟(*Ostrinia nubilalis*)喂食普通草蛉(*Chrysoperla carnea*)时,草蛉幼虫的死亡率高达62%,但是对照饲喂的为37%,而且取食*Bt*玉米饲养的欧洲玉米螟时,草蛉的发育历期也比对照要显著延长(Hilbeck et al. 1998),随后,用含有Cry1Ab和Cry2A蛋白的人工饲料饲养棉贪夜蛾来研究对草蛉的影响时,发现草蛉的幼虫阶段的死亡率还是比较高,最高可达78%。然而,随后Dutton等采用禾缢管蚜(*Rhopalosiphum padi* L.)、二斑叶螨(*Tetranychus urticae* Koch)和棉贪夜蛾饲喂普通草蛉时,发现虽然二斑叶螨体内*Bt*蛋白的浓度高达2.5 ug/g,对草蛉的生存率、发育和体重没有影响,但是棉贪夜蛾体内*Bt*蛋白的浓度为0.72 ug/g却可以导致草蛉的高死亡率和发育延缓,因此草蛉受到影响可能是低质量的猎物和Cry1Ab蛋白共同作用的结果(Dutton et al. 2003)。虽然可以从猎物体内能检测到*Bt*毒蛋白,但是*Bt*蛋白是否在猎物体内仍然存在杀虫活性,接下Obrist等通过EIIISA测定,发现草蛉体内*Bt*蛋白的含量是棉贪夜蛾或二斑叶螨体的1/2或1/3,并且猎物体内的*Bt*蛋白仍旧具有杀虫活性(Obrist et al. 2006)。综述这些研究说明草蛉幼虫所受的负面影响并不是由于Cry1Ab蛋白直接作用而是由于猎物的质量较差所导致的(Romeis et al. 2006)。接下来的很多研究也说明Cry1蛋白对草蛉幼虫没有负面影响(Romeis et al. 2004, Rodrigo-Simón et al. 2006, Lawo and Romeis 2008),而且在普通草蛉的中肠细胞膜上并不存在Cry1蛋白的结合位点。Li等用表达Cry1Ab或Cry3Bb1蛋白的玉米花粉来研究对普通草蛉成虫的影响,发现和对照相比,成虫的存活、产卵前期、生殖力和干重与对照相似(Li et al. 2008)。

最近,也采用对*Bt*产生抗性的昆虫来研究猎物对捕食性天敌的影响,这样可以克服猎物的质量或者营养成分所引起的结果的偏差,Li等用对Cry1Ac和Cry2A有抗性的粉纹夜蛾(*Trichoplusia ni*)幼虫为猎物研究对瓢虫的生存率、发育、成虫重量和生殖力的影响,发现抗性昆虫和对照之间这些生物学参数没有差异(Li et al. 2011),同样,Tian等用对Cry1F玉米产生抗性的草地贪夜蛾(*S. frugiperda*)幼虫作为猎物通过两个世代的研究评价对瓢虫(*Coleomegilla maculata*)的影响,结果发现以抗性昆虫为猎物的处理和对照之间饲养的瓢虫在存活率、生长发育、成虫体重和雌成虫的生殖力上没有不同(Tian et al. 2012b),另外,使用同样的方法,Tian等2013年研究也表明表达Cry1Ac蛋白的花椰菜、表达Cry1Ac/Cry2Ab棉花以及表达Cry1F蛋白的玉米对草蛉的幼虫存活率、发育历期、生殖力和卵的孵化率都没有显著性的影响(Tian et al. 2013)。

### 2.2.3 非靶标植食者

在稻田生态系统中,飞虱、叶蝉和蓟马都是主要的非靶标植食者,由于*Bt*基因对这些

刺吸式的害虫并没有直接毒性,因此,非靶标害虫生物特性和种群的变化,一方面可能是由于 *Bt* 基因插入到水稻的基因组中可能会引起一些非预期的变化,另一方面 *Bt* 水稻种植之后,由于农药使用量的减少和种间竞争的减弱,也可能对非靶标害虫的发生产生影响。根据前人的研究结果, *Bt* 水稻对非靶标植食者的影响根据所评价转基因的水稻材料和植食者的类型可以归结为三类:第一类, *Bt* 水稻对非靶标植食者的发生具有抑制作用,Chen 等发现与各自的对照 KCK 和 IR72 相比,褐飞虱不喜欢在转 *cry1Ab* 基因的水稻 (KMD1 和 KMD2)、转 *cry1Ab/cry1Ac* 基因的籼稻 (TT9-3 和 TT9-4) 上产卵,并且 24 小时内的产卵量也有所降低 (陈茂等. 2003, Chen et al. 2004)。Chen 等 2012 年通过室内 4 个世代的研究表明 KMD2 对褐飞虱的产卵量有显著的抑制作用,并且随着世代的增加进一步加剧,田间种群密度的调查也说明, KMD2 上褐飞虱若虫的密度显著低于其对照 Xiushui11 (Chen et al. 2012)。Akhtar 等的研究表明 *Bt* 水稻可以引起稻蓟马产卵持续期和雌成虫寿命的显著缩短,并且产卵量也显著的下降,田间采用套袋法、盆拍法和粘卡诱集法的调查表明 *Bt* 水稻对 5 种蓟马 (稻蓟马、花蓟马、禾蓟马、稻管蓟马和小麦管蓟马) 的种群密度存在一定的有负面影响 (Akhtar et al. 2010, Akhtar et al. 2013); 第二类, *Bt* 水稻对非靶标植食者的发生没有影响, Bernal 等通过采用不同启动子驱动的 *Bt* 基因来研究 5 个转基因水稻材料对褐飞虱的影响,结果说明褐飞虱的若虫存活率、雌雄体重以及雌雄若虫期在 *Bt* 水稻和对照之间是相似的 (Bernal et al. 2002), Fu 等的研究也说明转 *cry1Ab/CpTI* 基因的 MSA 和 MSB 对褐飞虱和白背飞虱的若虫发育历期、初羽化成虫鲜重、羽化率、短翅率、成虫产卵量等指标没有显著影响 (傅强等. 2003), Tan 等的结果同样表明转 *cry1Ab* 基因水稻 B1 和 B6 对白背飞虱的产卵行为和产卵量没有影响 (谭红等. 2006)。田间的调查结果也说明 *Bt* 水稻对非靶标害虫飞虱和叶蝉的种群密度及时间动态没有不良的影响 (傅强等. 2003, Chen et al. 2006); 第三类, *Bt* 水稻对非靶标害虫的发生具有促进作用,取食转 *cry1Ab* 基因的 KMD1 的黑尾叶蝉的雌成虫寿命、产卵量、产卵期显著的高于或者长于对照亲本 KCK, 而且 KMD2 田块中黑尾叶蝉的种群数量比对照高 0.5-1.0 倍以上 (周霞等. 2005), Wang 等的研究也发现在水稻生长后期, *Bt* 水稻上褐飞虱的种群数量显著的高于对照 (Wang et al. 2010)。可见, *Bt* 水稻对非靶标植食者的影响根据不同的情况可能具有正的、负的或者没有影响。

在棉田和玉米田生态系统中,蚜虫、粉虱和盲蝽象是主要的非靶标植食性害虫。前人的研究结果也表明 *Bt* 棉花对非靶标植食者具有促进、抑制或者没有影响。Hagenbucher 等通过温室内的试验表明, *Bt* 棉花上靶标害虫为害的减弱,导致棉花体内次生物质萜类的减少有利于棉蚜的发生和为害,但是在田间条件下,这种现象还不是很明显 (Hagenbucher et al.

2013)。Naranjo 等综述表明, *Bt* 棉花上蚜虫、叶蝉以及盲蝽象的发生有加重的趋势(Naranjo 2010), 虽然盲蝽象的种群增加和防治鳞翅目害虫的广谱农药的减少有关 (Lu et al. 2010)。崔金杰和夏敬源等的研究表明转 *Bt* 基因棉花 R93-4 田的棉蚜、红蜘蛛、白粉虱、棉叶蝉分别比常规棉田增加 25.5%、44.2%、29.7%和 118.8%, 说明转基因棉田的刺吸式害虫发生加剧(崔金杰 和夏敬源 2006)。邓曙东等通过 2000-2001 年在湖北棉区的研究结果也说明 *Bt* 棉田棉蚜、朱砂叶螨分别比常规棉花增加 71.4%、134.9%以及 298.3%和 105.0% (邓曙东等. 2003)。但是 Wu 等的研究结果却说明, 相对于广谱性农药来说, *Bt* 棉花不仅可以有效的控制棉铃虫的发生, 而且可以有效抑制棉蚜种群的再次爆发(Wu and Guo 2003)。除了上述两种情况, Liu 等的温室试验表明虽然 *Bt* 棉花和对照上饲养的棉蚜在连续三个世代的试验中, 一些生物学参数存在变异, 但是田间的调查却没有给出一致的结果(Liu et al. 2005)。Mellet 和 Schoeman 等的调查表明 *Bt* 棉花对蚜虫和烟粉虱的发生没有显著的影响(Mellet and Schoeman 2007), Zhang 等也同样的观察到 *Bt* 棉花对棉蚜的若虫存活率、成虫历期、产卵量和种群密度都没有影响(Zhang et al. 2008)。Lawo 等通过研究三个转 *cryIAC* 的印度棉花品种对蚜虫的影响, 发现蚜虫体内不能检测到 *Bt* 蛋白, 蚜虫蜜露中糖分的组成在不同的棉花品种以及转基因和非转基因对照之间存在变异, 但是在田间的条件下蚜虫的密度并不是寄生蜂的唯一糖类来源, 总之 *Bt* 棉花不可能影响到蚜虫在田间的表现(Lawo et al. 2009)。*Bt* 玉米对非靶标植食者同样也存在三个方面的影响, Lumbierres 等观察到 *Bt* 玉米田中存在有较高的蚜虫密度, 特别是有翅蚜和若蚜, 室内的结果也证明 *Bt* 玉米上饲养的第一代有翅蚜的后代具有较短的发育历期和产卵前期及较高的内禀增长率(Lumbierres et al. 2004), Faria 等发现 *Bt* 玉米对玉米蚜 (*Rhopalosiphum maidis*) 种群密度有强烈的促进作用, 可能同 *Bt* 玉米体内氨基酸含量比对照高有关, 而且蚜虫排出的蜜露量也显著的增加(Faria et al. 2007)。Ponx 等研究却表明 *Bt* 玉米的田具有较多的蚜虫(麦长管蚜), 但是只有麦长管蚜 (*Sitobion avenae*) 和对照之间存在显著差异(Pons et al. 2005)。Bourguet 等研究也说明 *Bt* 玉米对麦无网长管蚜 (*Metopolophium dirhodum*)、禾缢管蚜 (*Rhopalosiphum padi*) 和麦长管蚜 (*S.avenae*) 的种群密度和对照没有差异(Bourguet et al. 2002)。Ramirez-Romero 等的研究表明 *Bt* 玉米对麦长管蚜的后代有翅蚜的数量、无翅蚜的存活率、寿命、内禀增长率、周限增长率以及种群加倍时间没有影响(Ramirez-Romero et al. 2008)

#### 2.2.4 经济昆虫或其他有益昆虫

*Bt* 作物大规模种植之后, 花粉中同样也含有 *Bt* 蛋白, 当非靶标昆虫取食或者通过风媒

或虫媒传播到其他作物上时,可能对有益或者非靶标昆虫产生影响。

家蚕 (*Bombyx mori*) 是一种重要的经济昆虫,在我国南方地区,水稻和桑林经常相邻种植,因此水稻花粉可能从水稻飘落到桑叶上从而影响家蚕。Yao 等的研究说明家蚕的 1 龄幼虫对转 *cryAb* 基因的 *Bt* 花粉具有比较高的敏感性,家蚕的存活和生长发育受到转 *cryAb* 基因的 *Bt* 花粉的影响,但是室内所采用的花粉密度都远远高于田间,但是家蚕的 1 龄幼虫对转 *cry1Ab/cry1Ac* 基因的花粉则不是很敏感,转 *cry1Ab/cry1Ac* 基因的花粉对家蚕的存活和发育却没有影响,总的来说 *Bt* 花粉对家蚕的影响是可以忽略的(Yao et al. 2006, Yao et al. 2008)。

帝王蝶 (*Danaus plexippus*) 是北美地区一种常见的蝴蝶,也是世界上唯一的迁徙性蝴蝶。Losey 等在实验室中用沾有 *Bt* 玉米 (N4640) 花粉的马利筋 (*Asclepias curassavica*) 叶片喂食帝王蝶幼虫时,同不含 *Bt* 玉米花粉的马利筋叶片相比,幼虫的取食量下降,生长迟缓且具有较高的死亡率(Losey et al. 1999)。该文的刊发引起了大量科学家的关注,随后大量的研究来评价 *Bt* 玉米花粉是否真的能够影响到帝王斑蝶(Wraight et al. 2000, Hellmich et al. 2001, Oberhauser et al. 2001, Pleasants et al. 2001, Stanley-Horn et al. 2001, Zangerl et al. 2001)。最后, Sears 等基于以下 4 点:商业化的大部分杂交玉米中,花粉中的 *Bt* 蛋白的表达量是很低的;在田间的浓度下, *Bt* 花粉对帝王蝶基本上没有直接的毒性;玉米散粉期和幼虫活动基本上没有重叠期,而且仅仅有少部分的帝王蝶利用农田附近的马利筋;玉米花粉大而重,扩散的距离有限,只能落在距离玉米地 10m-5m 的马利筋上,认为 *Bt* 玉米花粉对帝王蝶种群的影响是可以忽略的(Sears et al. 2001)。

蜜蜂是世界上数量丰富且分布广泛的传粉昆虫,同时也能够改善水果和种子的产量,而且可以为人类提供重要的营养物质-蜂蜜。另外,农田作物可以为蜂蜜提供食物。Duan 等通过对 25 个研究进行 Meta 分析,发现目前在转基因作物所使用的用来控制鳞翅目或鞘翅目害虫的 Cry 蛋白对意大利蜜蜂 (*Apis mellifera ligustica* Spin.) 的成虫或若虫的存活没有负面影响(Duan et al. 2008)。Han 等的研究说明虽然转 *cry1Ac+CpTI* 基因的棉花花粉中含有的 Cry1Ac 蛋白最高可达 300 ng/g,花粉对蜜蜂的死亡率没有影响,但是在 7 天的口头暴露中,相对于对照来说,蜜蜂的取食行为被打乱以及取食的转 *cry1Ac+CpTI* 基因的棉花花粉也比较少(Han et al. 2010),进一步的研究发现取食行为打乱同蜜蜂的下咽腺发育和中肠的蛋白酶活性没有关系(Han et al. 2012)。Babendreier 等的研究表明, CryAb 蛋白即是在 5000ppb 的条件下对蜜蜂的生存率没有影响,但是对蜜蜂的取食行为有影响(Babendreier et al. 2005)。Dai 等的研究表明 Cry1Ah 玉米对蜜蜂的生存率、发育和蜂群表现和行为都没有影响(Dai et al.

2012)。Hendriksma 等的研究表明 Cry1A.105、Cry2Ab2 和 Cry3Bb1 同样对蜜蜂幼虫的生存和预蛹重量没有影响(Hendriksma et al. 2012), 进一步的研究表明在暴露于田间上述三种 *Bt* 蛋白玉米花粉上 10 天时, 蜜蜂的生存率、体重、花粉消耗速率、细菌种群的体积以及优势细菌的种类和对照没有显著差异(Hendriksma et al. 2013), Geng 等采用变性凝胶电泳来研究 Cry1Ah 玉米对蜜蜂幼虫和工蜂中肠细菌群落的影响, 结果表明同对照相比, 两者之间是比较相似的(Geng et al. 2013)。总体来说, *Bt* 作物对蜜蜂的生存率、生长发育、体重和细菌群落都没有显著影响, 但是 *Bt* 花粉在高浓度的情况下可能对蜜蜂的学习能力有所影响。

### 2.2.5 土壤生物

弹尾目昆虫是最常见和最丰富的土壤昆虫, 他们在植物残体的降解和循环中有着重要的生态功能。当他们在稻田生态系统中, 取食 *Bt* 水稻残体时, 可能接触到杀虫蛋白。白耀宇等采用吸虫器的方法调查发现无论是在水稻灌浆期还是水稻收割后休田期, 转 *cry1Ab* 基因水稻田的灰橄榄长角跳的密度显著高于其对照(白耀宇等. 2006b)。2011 年采用模式跳虫-白符跳 (*Folsomia candida* Willem) 来研究转 *Bt* 基因水稻对它的影响, 发现它的生长发育以及产卵量和对照没有不同(Bai et al. 2011), 另外, Bai 等通过陷阱法来研究水稻休田期, *Bt* 水稻的植株残体对弹尾虫和稻田非靶标生物群落的影响, 稻田优势的弹尾虫包括灰橄榄长角跳虫 (*Entomobrya griseoolivata* Packard)、球角跳虫 (*Hypogastrura matura*) 和钩圆跳虫 (*Boudetiella christianseni* Banks), 优势弹尾虫的密度和节肢动物群落并没有受到 *Bt* 水稻植株残体的影响 (Bai et al. 2010, Bai et al. 2012)。

另外, *Bt* 蛋白在土壤中的长期存在可能对土壤的微生物群落和根围的酶活性产生影响。水稻所表达的 *Bt* 蛋白可以通过根系分泌到土壤或者水体中, 而且在水体中的生物活性可以超过 160 天(Saxena et al. 2004, 白耀宇等. 2006a, 白耀宇等. 2006b), Wang 等发现在好氧条件下, 从水稻中提出的 Cry1Ab 纯蛋白可以在土壤中快速的降解, 半衰期在 19.6-41.3 天之间, 但是在水淹条件下, 延长到 45.9-141 天(Wang et al. 2007), Li 等的研究发现水稻残体和根部的 *Bt* 蛋白, 在冬季可以降解 80%, 然后在第二年四月之前降低到最低水平(Li et al. 2007)。吴伟祥等通过实验室条件下的秸秆还土试验, 与对照亲本相比, 转基因 KMD 秸秆的添加对土壤好氧性细菌、放线菌和真菌的数量没有显著的影响, 对土壤蛋白酶、中性磷酸酶、脲酶和土壤呼吸强度没有显著影响, 总之, 对土壤可培养微生物没有显著的毒害作用(吴伟祥等. 2003), 徐晓宇等则研究 KMD 秸秆在淹水条件下对稻田厌氧微生物种群的影响, 结果发现 KMD 秸秆对土壤反硝化细菌和产甲烷细菌种群以及脱氢酶活性具有显著的一致作用, 但是

对厌氧发酵细菌种群、土壤纤维素酶和磷酸酶活性具有刺激或促进作用(徐晓宇等, 2004)。

### 2.3 基因漂移

基因漂流指的是将基因从一个群体的基因库转移到另一个群体的基因库, 那么对于转基因作物来说, 就是转基因作物体内插入的基因通过不同的方式逃逸到非转基因作物或者野生近缘种的体内(Lu 2008), 基因漂流的方式主要有三种: 一种通过花粉介导的杂交, 另一种是种子介导的扩散, 最后一种是植物的繁殖体所介导的。对转基因水稻来说, 水稻花粉介导的杂交是主要的方式, 可能产生的风险主要有: 野生稻的基因库可能被污染或者毁灭, 导致生物多样性或种质资源的破坏; 当具有优势效应的基因逃逸到杂草稻上, 含有该基因的杂草稻群体相比其他杂草稻来说, 具有抗虫、抗病、耐旱、耐盐或抗除草剂等生物或者非生物的抗性, 成为超级杂草(Lu and Snow 2005, Lu and Yang 2009)。

栽培稻分类上属于禾本科(Poaceae)、稻族(Oryzaceae)、稻属(Oryza)。稻属包含了两种栽培稻和 20 多种野生稻物种, 广泛分布于全球的热带和亚热带地区, 亚洲栽培稻 (*O.sativa*) 是我们通常食用的水稻, 主要种植于世界的热带、亚热带以及温带地区。稻属的各个物种分别包括了 10 种不同的基因组类型, 即 AA、BB、CC、BBCC、CCDD、EE、FF、GG、JJHH 和 JJKK (Ge et al. 1999), 不同基因组类型之间的水稻之间存在着生殖隔离, 相互之间很难进行杂交。但是栽培水稻含有 AA 基因组, 与含有 AA 基因组的其他野生稻近缘种 (包括杂草稻) 有比较近的亲缘关系, 因此, 栽培水稻同其含有相同基因组的野生近缘种之间是很容易发生基因漂移的。

一般来说, 栽培稻具有比较高的自花授粉比率, 与邻近的水稻植株之间发生的杂交率不到 1%。Song 等的研究表明在风速为 2.52 m/s 的下风向, 栽培稻 Minghui 63 的花粉可以漂移 38.4 m, 而且当风速达到 10 m/s 时, 最远可以达到 110 m, 水稻花粉飘落的高度主要 1.0-1.5 m 之间(Song et al. 2004a)。Rong 等的试验表明杂交品种和常规水稻之间存在着非对称的基因交流, 在常规水稻上大概是 0.04%, 杂交水稻是 0.18%左右, 另外, 转基因抗虫水稻和邻近的非转基因对照之间即是在很近的距离之内, 基因交流频率在 0.05%-0.79%之间(Rong et al. 2004, Rong et al. 2005), 接下来的研究说明在 0.2m 的距离, 频率大概是 0.28%, 当距离达到 6.2m 时, 频率小于 0.01% (Rong et al. 2007), Rong 等 2012 年采用在不同的种植面积的条件比较花粉介导的基因漂移的频率, 发现抗虫转基因水稻和对照之间的频率小于 1%, 而且规模越大基因漂流的频率越低(Rong et al. 2012)。也就是说, 转基因水稻和非转基因对照之间是存在基因漂移的, 虽然频率比较低, 距离和面积都可以影响到传播的距离, 同时最近的

模型分析表明供体花粉的量和受体的杂交率同样会影响到基因漂流的频率(Rong et al. 2010), 鉴于转基因抗虫水稻如果商业化之后, 种植面积的扩大, 所承载花粉量的增多, 可能会加大基因漂流的频率, 因此转基因和非转基因水稻之间的基因漂流的评价必须严格谨慎。

野生稻近缘种分布于除美国之外的水稻种植区, 主要包括普通野生稻 (*O. nufipogon*) 和一年生野生稻 (*O. nivara*)。其中普通野生稻是多养生的禾本科植物, 与亚洲栽培稻具有共同的基因组, 被认为是亚洲栽培稻的祖先, 同时, 它具有丰富的基因资源和遗传多样性, 是改良栽培稻的重要基因库和宝贵材料(Song et al. 2005)。野生稻的异交率波动范围比较大, 可以从 5%到 50%(Oka and Morishima 1967), 其中普通野生稻的异交率在 40%左右。Song 等 2003 年的研究说明栽培稻和普通野生稻之间的基因漂流频率最高可到 2.94%, 并且 95% 杂交的种子出现在离作物 30m 的范围之内的野生水稻上, 最大的扩散距离达到 43.2 m(Song et al. 2003)。然而, Wang 等的研究却发现在 0-1 m 时抗除草剂基因的逃逸频率达到 11%-18%, 而且随着距离的增加基因频率随之降低, 到 250 m 时只有 0.01%(Wang et al. 2006)。那么, 转基因抗虫植物和普通野生稻杂交之后, *Bt* 蛋白在 F1 代的含量是如何, Xia 等用 ELISA 的方法测定, 发现野生稻群体中 Cry1Ac 蛋白的含量, 在整个生长阶段, 叶片中为 0.016%到 0.069%, 茎秆为 0.12%到 0.39%, 而且 F1 和 F2 之间存在的变异性也比较大, 特别要指出的是有些野生稻品种体内的含量还要高于亲本 *Bt* 水稻(Xia et al. 2009), 也就是说 *Bt* 蛋白可以在杂交后代中正常表达, 那么对靶标害虫也应该具有致死作用。当然, 基因逃逸到野生稻后, 他们杂交后代的在田间的表现受到杂交后代的生存率、生殖力以及来自含有该基因的同种作物的竞争。Song 等的研究说明 Minghui 63 和普通野生稻的杂交 F1, 同母本相比, 具有比较低幼苗存活率、花粉存活率、种子产量、中等程度的种子萌发率、小穗数量、旗叶面积, 但是具有较高的植株高度、分蘖数和花序, 也就是说尽管 F1 的营养生长阶段具有比较优势, 但是在生殖阶段的表现比较差(Song et al. 2004b)。

杂草稻是指在栽培稻田里变成杂草稻的野生稻, 它往往具有红种皮、落粒性、杂草性状, 并与栽培稻竞争各种生存和生长的资源, 造成水稻产量减产与稻米品质的下降。主要分布在我国的黑龙江、辽宁、吉林、江苏和海南等省市。杂草稻和栽培稻一样主要以自花授粉为主, 同时花粉的存活时间也较短。Chen 等估计在亚洲, 抗除草剂基因向几种早稻的漂移频率大概在 0.00 到 0.5%之间(Chen et al. 2004), 同样, Shivrain 等估计在北美地区, 在更大规模的试验中, 发现大概在 0.003%到 0.008%之间(Shivrain et al. 2007), Gealy 等通过对超过 10 个发表研究的总结, 估计这种杂交率在 0.0-1.00%之间(Gealy et al. 2003)。Cao 等通过比较三种

杂草稻和转 *CpTI* 或 *Bt/CpTI* 两个转基因品系的后代的表现,发现和杂草稻相比, F1 代具有较高的植株、更多的分蘖、花序、每株小穗数、千粒重、较高的种子发芽率和较多的种子产量(Cao et al. 2009)。Yang 等 2011 年的结果表明 *Bt/CpTI* 水稻和杂草稻的后代同非转基因对照亲本对比, 虫害减少 79%, 产量增加 47%, 相对于母本杂草稻来说, 产量增加 44%, 也就是说 *Bt/CpTI* 基因可以漂移到杂草稻中, 并且在害虫密度比较高, 可以产生更多的种子(Yang et al. 2011), 进一步的研究发现, 在田间自然条件下, 同对照亲本相比, 杂草稻和 *Bt/CpTI* 水稻的后代单独种植时可以抑制害虫的危害, 具有比较优势, 但是在害虫压力比较小时, 却没有这种优势, 鉴于转基因水稻种植之后可以抑制害虫的为害, 因此这种杂交后代的种群有可能不会扩展(Yang et al. 2012)。

## 2.4 食品安全

食品安全的评价主要采用 1993 年, OECD (经济合作与发展组织) 提出的实质等同性原则, 即转基因食品同传统的同类食品比较, 其特性、化学成分、营养成分、所含毒素以及人和动物食用和饲料情况类似(魏伟 et al. 2001)。水稻是我国的粮食作物, *Bt* 水稻的食品安全关系着我们每个人的健康, 同时也是商业化生产的主要阻力。

苏云金芽孢杆菌从开始作为生物农药到现在已经有着 100 多年的历史(Nester et al. 2002), 到现在为止的研究并没有发现 *Bt* 植物对哺乳动物因口服而出现急性、亚急性、慢性毒性以及致敏性, 同时转 *Bt* 基因食物和对照具有实质等同性 (Betz et al. 2000)。Siegel 等对很多实验室的研究总结说明 *Bt* 蛋白和 *Bt* 产物是没有毒性的, 对哺乳动物只有在很高浓度的情况下才会产生(Siegel 2001)。美国环保局至今还没有发现已经注册的转基因作物对人体有毒害或致敏作用(Mendelsohn et al. 2003)。Jennings 等通过采用把转基因玉米 MON510(*Cry1Ab*)上饲养的欧洲玉米螟喂食鸡后, 并没有在鸡胸部的肌肉中发现含有任何重组 DNA 或 *Cry1Ab* 蛋白的存在(Jennings et al. 2003)。另一项研究中食用 *Bt* 玉米和对照的猪, 体重都从初始的 24 kg 增长到 108 kg, 采用 PRC 的方法, 没有在 *Bt* 玉米饲喂的猪的组织样本中检测到重组或玉米特有的基因片段(Reuter and Aulrich 2003)。对饲喂 *Bt* 玉米的奶牛和鸡的研究中发现, 只有来自于植物叶绿体的小片段 DNA (<200bp)存在于奶牛的血淋巴中, 并且在奶牛的其他组织中并未发现重组 DNA 片段, 但是在鸡的各个组织中却发现存在此段 DNA, 在鸡蛋中却没有扩增到, 另外, *Bt* 基因在奶牛和鸡的各个组织中都没有发现(Einspanier et al. 2001)。

用转 *cry1Ab* 基因的 *Bt* 水稻饲喂小鼠 90 天, 在高达 64 克水稻每千克小鼠体重的剂量下,

未发现对小鼠的行为、体重增加、食物利用,以及病理学病变或者不正常以及器官的重量和其他的指标有影响(Wang et al. 2002)。同样对 *Bt* 水稻和亲本的种子进行分析,发现两者在营养成分(粗蛋白,粗脂肪,游离氨基酸,总灰分和矿物元素)和理化性质方面没有显著差异,虽然 *Bt* 水稻的种子可以检测到 *Cry1Ab* 蛋白,但是煮熟的米饭中并没有检测到(Wu et al. 2003)。

Li 等测定了转 *bar* 基因的水稻和对照之间在营养成分(概率营养成分,氨基酸、脂肪酸,矿物质、维生素)和抗营养成分(植酸、植物凝集素、胰蛋白酶抑制剂)异同,结果两者之间没有不同(Li et al. 2008),Wang 等的测定结果也说明 *Cry1Ab/Cry1Ac* 水稻和对照之间的营养和抗营养成分也是相似的(Wang et al. 2012),随后 Park 等的结果也说明 *Cry1Ac* 水稻和对照之间的实质等同性(Park et al. 2012)。Cao 等采用大肠杆菌表达的 *Cry1C* 蛋白来研究它的安全性,发现 *Cry1C* 和目前已经知道的过敏原和毒素没有任何序列同源性,在高温下比较稳定,但是在模拟胃液和小肠液的情况下降解比较快,当以 5g/kg 体重比法喂食小鼠并没有引起负面的效应,同时也没有诱变性(Cao et al. 2010),进一步研究发现表达 *Cry1C* 蛋白的水稻不能诱导产生 IgG2a 特异性的抗原,细胞因子的表达水平、血清免疫球蛋白 E、组胺的水平以及肥大细胞对照相比也没有不同(Cao et al. 2012a),接着通过 90 天的饲喂,发现对小鼠尿液的代谢组和细菌也没有影响(Cao et al. 2012b),采用相同的指标发现 *Cry2A* 水稻也对小鼠没有影响(Cao et al. 2011)。

### 3 展望

现代生物学技术的发展推动了农业科技的进步,转基因技术的出现革新了作物品种的育种方式,加快了品种的更新换代,特别转 *Bt* 基因作物的培育对于增加粮食产量、减少杀虫剂的环境污染和保护生物多样性具有重要的作用,但也应该注意到任何一种技术都并不是万能的,在看到巨大利益的同时,也应该时刻保持清醒。杀虫剂使用之初,有效的控制了害虫对作物的危害,但是广泛的、大规模的使用导致害虫抗药性的产生、次要害虫的爆发以及农药残留。*Bt* 基因作物作为一种新的控制害虫种群的手段,如同杀虫剂的使用一样,如果不加控制的滥用,最终也会导致很多问题,因此 *Bt* 作物要和害虫综合治理结合起来才能更加持续的应用。

自从 1996 年,美国批准 *Bt* 棉花、*Bt* 玉米和 *Bt* 马铃薯进行商业化种植以来,转基因作物获得巨大的成功,转基因作物的种植面积也已经从最初的 1.7 亿公顷,增加到 2012 年的 1.7 亿公顷,增长了约 100 倍(James 2012)。我国 *Bt* 棉花的种植开始于 1997 年,到 2012 年

也已经是第 16 年,近年来的研究表明 *Bt* 棉花的种植不仅控制了棉铃虫的发生和为害,同时也减轻了其他作物上该虫的危害(Wu et al. 2008),同时由于种植面积的增加和农药使用量的减少,也在一定程度上保护了自然天敌如瓢虫、草蛉和蜘蛛等,间接控制了蚜虫种群数量(Lu et al. 2012),然而棉花盲蝽象有加重发生的趋势(Lu et al. 2010)。

*Bt* 棉花种植的巨大成功,对 *Bt* 水稻具有重要的借鉴作用。但是应该看到 *Bt* 作物仍旧具有风险,而且关于转基因作物的风险仍旧在持续不断的争论中。关于转基因作物可能带来的风险主要集中在两个方面:第一是生态环境安全性,另一个方面是食品安全性。生态环境安全性包括:第一,转基因植物中所表达的外源基因向其非转基因植物品种及其野生近缘种逃逸所带来的生态风险;第二,转基因作物对非靶标生物的影响,特别是提供生态功能的生物,如寄生蜂、捕食者以及土壤生物;第三,转基因作物在农田生态系统长期种植之后,所表达的产物存留在土壤之中,对土壤微生物群落的影响;第四,靶标害虫在长期的适应之后,可能产生抗性,导致转基因作物不能有效的控制害虫的危害和发生,最终导致转基因作物的失效。对于食品安全性,主要关注的是含有外源基因的食品和传统食品相比,有没有实质等同性以及致敏性、致畸性。对我们来说,主要关注的是靶标害虫在长期的选择压力下,能不能产生抗性以及 *Bt* 作物对非靶标生物的潜在影响。

自从 1989 年,杨虹等采用聚乙二醇的方法把 *Bt* 基因导入到水稻品种台北 309 中,获得世界上第一列转 *Bt* 基因的粳稻以来(杨虹等. 1989),接着,国内外已有多个研究组相继开展转 *Bt* 基因抗虫水稻的培育(Fujimoto et al. 1993, High et al. 2004, Cohen et al. 2008, Chen et al. 2011),并获得了不少抗虫效果好的转基因籼稻、粳稻和杂交稻品系(High et al. 2004),其中有些已进入田间中试(Shu et al. 2000, Tu et al. 2000, Ye et al. 2001a, b)、环境释放或生产性试验(Huang et al. 2005)。田间验证确实显示了良好的抗虫效果和丰产性,展现了巨大的潜能。

2009 年,农业部为两种转 *cry1Ab/cry1Ac* 基因的水稻(华恢 1 号和汕优 63)颁发安全证书,允许在湖北省进行 5 年的生产性试验 (MAPC 2009)。我国很有可能成为第一个商业化种植 *Bt* 水稻的国家。虽然前人的研究表明,转基因水稻如果种植之后也可以有效控制水稻螟虫的发生,减少杀虫剂的使用量 80%以上,水稻产量增加 6%-9%,同时减少对农民健康的危害(Huang et al. 2005)。

为了延缓害虫抗性的产生,目前主要采用高剂量/庇护所和基因聚合的策略。其中高剂量/庇护所应用的最为成功,该策略主要基于以下三个假设:转基因抗虫作物必须表达高剂量的 *Bt* 蛋白,足以杀死抗性种群以及抗性和敏感的杂合子;抗性基因在田间比较稀有;抗性种群和敏感种群可以随机交配。该策略主要在美国和澳大利亚采用,这些国家地广人稀,

而且是大规模的种植,比较容易实行,实践也证明该策略在减缓害虫抗性的产生是非常有效的。但是在亚洲国家,所面对的是小农户种植和多种作物并存,特别是水稻螟虫基本上都为寡食性的害虫,采用 *Bt* 棉花的以其他作物为庇护所也是行不通的。因此,基因聚合策略应该是可行的。

目前水稻上表达的基因主要是 *cry1Ab*、*cry1Ac* 或 *cry1Ab/cry1Ac*, 研究表明水稻螟虫对 *cry1Ab* 与 *cry1Ac* 存在交互抗性, *cry1C*、*cry2A* 以及 *vip3H* 同 *cry1A* 具有较低的序列同源性,在靶标害虫的中肠细胞膜上具有不同的结合位点,因此可以和 *cry1A* 系列进行聚合来延缓害虫抗性的产生。另外, *cry1C*、*cry2A* 同 *cry1Ab*、*cry1Ac* 基因进行聚合的水稻品系也已经得到培育,同转单个基因的水稻品系相比,对二化螟具有比较高的抗性。同时, VIP 是苏云金芽孢杆菌在营养生长期所产生的一类蛋白,转 *cry1Ab/vip3H* 的水稻也已经得到开发。

综合前人对转 *cry1Ab*、*cry1Ac* 或 *cry1Ab/cry1Ac* 的水稻研究,结果表明转 *Bt* 基因水稻对非靶标天敌和生物多样性没有负面影响,对非靶标植食者的影响则因转基因水稻的品系和所评价的非靶标植食者的种类存在正面、负面或者没有影响。对稻米的营养成分和抗营养成分、致敏性和致畸性等的研究也表明, *Bt* 水稻和传统的水稻在这些评价指标上同对照并没有区别。另外, *Bt* 水稻对天敌的评价多集中在对稻田生态系统中的捕食者进行评价,对于寄生性天敌的评价比较少,同时评价的时间持续短、范围和规模比较小。

因此,未来对转基因水稻的安全性评价工作,应该开展多年、多点、多品系的试验,而且通过室内抗性品系的筛选,提早预测害虫抗性产生的机理,以便应对害虫的抗性治理工作,同时加强对非靶标生物的评价工作,在现在评价内容的基础上,加强对捕食性天敌,特别是寄生性天敌的评价工作。食品安全是阻碍转基因抗虫水稻商业种植的主要原因之一,因此,也应该加大食品安全方面的评价工作,开展长期的工作以便更好地检测对哺乳动物的影响。

## 第二章 材料和方法

### 1 供试水稻材料

转 *Bt* 基因水稻 (*Bt* 水稻): 主要有四类转基因抗虫水稻材料用于试验: 转基因粳稻纯和系“克螟稻 1 号 (KMD1)”和“克螟稻 2 号 (KMD2)”, 转基因籼稻 T1C-19 和 T2A-1 以及抗虫和耐除草剂水稻 G6H1。

KMD1 和 KMD2 是采用农杆菌介导法获得的转基因水稻, 均含有 *cry1Ab* 基因和玉米 *ubiquitin* 启动子基因, 在室内和田间条件下对水稻螟虫和稻纵卷叶螟具有很高的抗性(舒庆尧等. 1998, Shu et al. 2000, Ye et al. 2001a), 对照是未转基因的亲本粳稻品种秀水 11(KCK, 文中称 KCK)。

T1C-19 和 T2A-1 也是采用农杆菌介导法获得的转基因水稻, 分别表达 *cry1C* 基因和 *cry2A* 基因, 这两类基因分别是以野生的 *cry1Ca5* 基因和 *cry2Aa* 基因的氨基酸做蓝本, 根据水稻体内密码子的偏好性进行设计, 以玉米 *ubiquitin* 基因作为启动子(Chen et al. 2005, Tang et al. 2006)。两种转基因水稻品系在室内和田间条件下对三化螟 *Tryporyza incertulas* (Walker)、二化螟 *Chilo suppressalis* (Walker)、稻纵卷叶螟 *Cnaphalocrocis medinalis* Guenée 表现为高抗(Chen et al. 2005, Tang et al. 2006, Chen et al. 2008, Xu et al. 2011, Zheng et al. 2011)。对照是未转基因的亲本籼稻品种明恢 63(MH63)。

G6H1 同样也是采用农杆菌介导法获得的转基因水稻, 含有 *cry1Ab/vip3H* 基因和玉米 *ubiquitin* 启动子基因, 并且含有一个高抗草甘膦的 5-烯醇丙酮莽草酸-3-磷酸酯合成酶 (5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase, EPSPS) (Fang 2008), 其对照为非转基因粳稻品种秀水 110 (XS110, XS110)。在室内和田间条件下对大螟和二化螟具有很好的抗性 (Chen et al. 2010)。

### 2 试验地点和栽培管理

#### 2.1 试验地点

根据农业部的相关要求, 在浙江省选择四个试验地点, 建立 *Bt* 水稻试验点, 各个试验点的气候均属于温暖湿润的亚热带季风气候。各个试验点的概况如下表 2.1:

表 2.1 试验点概况

Table 2.1 Field and characterization summary for field monitoring

试验地点	供试水稻材料	试验面积	移栽时间	取样次数
浙江大学试验农场 (简称杭州)	KMD1, KMD2 和 KCK	4500 m <sup>2</sup>	2008 年 8 月 2 日	5
			2009 年 8 月 1 日	5
			2010 年 8 月 2 日	5
			2011 年 8 月 5 日	7
浙江大学	T1C-19, T2A-1 和 MH63	2025 m <sup>2</sup>	2012 年 6 月 14 日	7
			2012 年 7 月 5 日	5
长兴试验站 (简称长兴 I)	G6H1 和 XS110	4200 m <sup>2</sup>	2010 年 8 月 2 日	5
			2011 年 8 月 5 日	7
浙江大学 长兴试验站 (简称长兴 II)	T1C-19, T2A-1 和 MH63 G6H1 和 XS110	2025 m <sup>2</sup> 4200 m <sup>2</sup>	2012 年 7 月 25 日	5
			2010 年 7 月 12 日	5
			2011 年 6 月 28 日	6
			2012 年 6 月 31 日	6
金华市试点 (简称金华)	T1C-19, T2A-1 和 MH63	2025 m <sup>2</sup>	2011 年 8 月 2 日	5
			2012 年 8 月 5 日	7

## 2.2 田间种植和小区设计

根据农业部的要求建立相应的试验点, 每个地点的试验田按照种植的品种数 (2 或 3 个) 以及每个品种 3 次重复, 把试验田分割为等大的 6 或 9 个田块, 各小区按随机区组设计。各小区面积约为 15 m×15 m (T1C-19、T2A-1 和 MH63)、20 m×25 m (KMD1、KMD2 和 KCK) 和 20 m×35 m (G6H1 和 XS110)。各试验地点的小区之间均以一条宽约 50 cm 的田埂隔开, 整个试验田的周围均种植 5 行非转基因水稻做保护行。稻苗单本手工移栽 (≈16.5 cm×16.5 cm)。肥水管理按照当地的种植要求, 但是水稻整个生育期不用任何化学农药处理。

## 3 取样和鉴定

### 3.1 吸虫器取样

根据 Carino et al. 1979 的描述, 对真空吸虫器 (Model 1612, Gainesville, Florida, USA) 进行改装以便于在水稻田中进行操作。吸虫器取样框高 0.9 m, 取样面积为 0.25 m<sup>2</sup> (0.5 m×0.5 m), 约罩住 9 株水稻。取样从水稻移栽后 1 个月开始, 直到水稻成熟, 取样时间间隔为 7-15 天左右。每个取样日期, 对每个小区进行对角线 5 点随机取样。取样时, 一人背负吸虫器, 另一人负责集虫网 (市售尼龙袜) 和安置取样框。各个地点的取样次数详见表 2.1。

### 3.2 分类和鉴定

田间所取样立即用 100% 的酒精进行保存, 带回室内后, 除去水稻植株和多余的其他杂物, 挑出的节肢动物用 100% 的无水酒精保存, 然后在体视显微镜下进行鉴定和计数。昆虫和蜘蛛的鉴定主要参考相关文献(何俊华等. 1980, 何俊华和庞雄飞 1986, 夏松云 1988, 郑乐怡和 归鸿 1999a, b)。常见个体尽可能鉴定到种, 其余的至少鉴定到科。

## 4 功能团的划分

本研究根据调查结果, 依据刘志诚 (2002) 的研究, 把稻田节肢动物群落划分为植食性昆虫 (Herbivores)、寄生性昆虫 (Parasitoids)、捕食性天敌 (捕食性昆虫和蜘蛛) (Predators)、腐食性昆虫 (Detritivores) 和其他昆虫 (Others) 等 5 个功能团。各功能的组成见表 2.2

## 5 数据分析

群落参数采用国内常用的物种丰富度(S)、Shannon-Wiener 多样性指数 ( $H'$ )、均匀性指数 ( $J$ ) 以及 Simpson 优势集中性指数( $C$ )。

$$H' = -\sum_{i=1}^s p_i \ln p_i \quad (\text{式 2.1})$$

其中:  $p_i = \frac{N_i}{N}$ ; S: 群落中物种数;  $P_i$ : 群落中第  $i$  个物种的个体数量( $N_i$ )占群落中总个体数( $N$ )的比例。

$$J = \frac{H'}{H'_{\max}} \quad (\text{式 2.2})$$

其中:  $H'_{\max}$ :  $H'$  的最大理论值, 即假定群落内各个物种均以相同比例存在时的  $H'$  值

$$C = \sum_{i=1}^s \left(\frac{n_i}{N}\right)^2 \quad (\text{式 2.3})$$

其中:  $n_i$ : 第  $i$  个优势种在群落中的重要值;  $N$ : 群落的总重要值

$$\text{优势度 (\%)} = N_i/N \times 100\% \quad (\text{式 2.4})$$

其中:  $N_i$  为群落中第  $i$  个物种 (类群) 的个体数量,  $N$  为全部种 (类群) 的数量。

表 2.2 功能团的划分和组成

Table 2.2 Composition of each guild and their directory

功能团 (guilds)	目 (orders)	科 (family)
植食性昆虫	直翅目	斑腿蝗科 剑角蝗科 锥头蝗科 蟋蟀科 螽斯科
	缨翅目	蓟马科 管蓟马科
	同翅目	飞虱科 叶蝉科 蚜科
	半翅目	蝽科 盲蝽科 (除黑肩绿盲蝽) 缘蝽科
	双翅目	大蚊科 秆蝇科 潜蝇科 实蝇科 花蝇科 水虻科 水蝇科 眼罩蚊科 瘿蚊科
	鞘翅目	瓢甲科 (除黑襟毛瓢甲、龟纹瓢虫) 跳甲科 象甲科
	鳞翅目	螟蛾科 夜蛾科
寄生性昆虫	膜翅目	分盾细蜂科 螫蜂科 肿腿蜂科 环腹瘿蜂科 姬蜂科 茧蜂科 赤眼蜂科 缨小蜂科 姬小蜂科 金小蜂科 跳小蜂科 小蜂科 广肩小蜂科 锤角细蜂科 缘腹细蜂科 蚜小蜂科
	双翅目	寄蝇科 头蝇科
	脉翅目	草蛉科
捕食类天敌	蜻蜓目	蜻科 螳科
	半翅目	负子蝽科 花蝽科 宽尾蝽科 猎蝽科 姬蝽科 盲蝽科 (仅指黑肩绿盲蝽) 蝾蝽科 长蝽科
	脉翅目	草蛉科
	鞘翅目	步甲科 隐翅甲科 瓢甲科 (仅指黑襟毛瓢甲、龟纹瓢虫)
	双翅目	沼蝇科 长足虻科 舞虻科
	膜翅目	蚁科
	蜘蛛目	微蛛科 球腹蛛科 狼蛛科 肖蛸科 跳蛛科 蟹蛛科 圆蛛科 盗蛛科 卷叶蛛科 猫蛛科 栅纺蛛科 逍遥蛛科 管巢蛛科
腐食类昆虫	弹尾目	长角跳虫科 等节跳虫科 圆跳虫科
	鞘翅目	水龟甲科
	双翅目	蠅科 蛾蠃科 粪蚊科 菌蚊科 粪蝇科 蚤蝇科
其他类昆虫	半翅目	膜蝽科
	双翅目	摇蚊科 蚊科 果蝇科 虻科 蝇科
	膜翅目	蜜蜂科

物种丰富度( $S$ )、Shannon-Wiener 多样性指数 ( $H'$ )、均匀性指数( $J$ ) 和 Simpson 优势集中性指数( $C$ )的计算主要在 DPS 7.5 上完成 (Tang and Feng 2007)。功能团密度和分布以及节肢动物群落常用参数的比较主要采用基于 Proc mixed model (SAS 9.1) 重复测量的方差分析来进行, 如果存在差异, 进一步采用 Tukey's multiple-range test 进行两两比较 (Littel et al. 2006)。

为了进一步探讨 *Bt* 水稻对整个节肢动物群落是否有影响, 我们采用一种具有时间依赖性的多元分析方法-主反应曲线法 (Principal response curves, PRCs) (Van den Brink et al. 1996, Van den Brink and Braak 1999)。PRCs 分析方法是基于冗余分析 (RDA) 的一种排序方法, 该方法可以展示出 *Bt* 稻田中节肢动物群落相对非转基因稻田所发生的变化, 同时它还能检验 *Bt* 水稻的整个节肢动物群落相对于其亲本对照是否存在差异性, 这种显著性分析主要是基于非参数算法-蒙特卡罗法 (Monte Carlo method)。除此之外, 这种 PRCs 还能和物种权重相结合, 从而解释哪一或几种物种的数量更容易受到 *Bt* 水稻的影响, 当然, 只有那些物种权重在大于 0.5 和小于-0.5 的才具有意义。我们采用软件 CANOCO 4.5 (Ter Braak and Smilauer 2002) 进行相关的分析和计算, 同时, 对于物种权重大于 0.5 和小于-0.5 的物种则进一步采用重复测量的 Proc mixed model (SAS 9.1) 来分析其密度是否真正的收到 *Bt* 水稻的影响。百分率数据进行反正弦平方根转化, 计数数据则在必要的情况之下进行  $\ln(X+1)$  转换之后再行差异显著性比较。所有数据的分析都在 SAS 9.1 上完成 (SASInstitute 2001), 同时设定显著性水平,  $\alpha=0.05$ 。

### 第三章 四类转基因抗虫水稻对稻田节肢动物群落结构的影响

稻田生态系统是以水稻为核心,各种生物因子和非生物因子有机结合相互作用而形成的生态系统。其主要特点是水稻是其中的第一生产者、人类的干扰行为多、群落结构简单、群落的物种数和个体数都比自然系统少,生物多样性也比较低。稻田节肢动物群落是一个以水稻为中心的多种害虫、天敌以及其它昆虫等共存的复杂网络系统。稻田节肢动物群落由于受到人为的干扰比较多,因此群落的稳定性比较差,群落的演替也比较快。杀虫剂的使用导致水稻害虫数量的下降,同时广谱农药的使用也会对自然天敌起到杀伤作用,进而导致节肢动物群落结构稳定性的破坏。*Bt* 水稻引入到稻田生态系统中去,一方面 *Bt* 蛋白可以在水稻植株的各个组织和整个生长期进行持续表达, *Bt* 蛋白也会通过根和植株残体残留在土壤中,另一方面昆虫在水稻上的取食也会暴露于 *Bt* 蛋白,靶标害虫的直接取食导致致死效应,非靶标生物特别是天敌可能通过猎物、寄主或直接取食接触到 *Bt* 蛋白。另外, *Bt* 基因插入到水稻植株中可能会引起一些非预期的变化,导致水稻的物理性状和植株体内的生理生化发生变化,因此 *Bt* 水稻的种植在一定程度上将各个营养层的节肢动物暴露于 *Bt* 蛋白的风险之中,最终可能影响到整个节肢动物群落的稳定性。

刘志诚等评价 2 个转 *cry1Ab/cry1Ac* 基因籼稻品系 TT9-3 和 TT9-4 对稻田节肢动物群落的影响,结果发现五个功能团中的某些优势科的优势度在 *Bt* 水稻和对照之间存在显著的差异如 *Bt* 水稻田中蜜蜂科或姬蜂科的优势度有些情况下显著低于对照,大多数情况下功能团优势度、功能团的科组成及其优势度、常用的节肢动物群落参数(物种数、Shannon-Wiener 多样性指数、均匀度指数和 Simpson 优势集中性指数)及其时间动态无差异,并且各个亚群落的相异性也比较低,总体来说 *Bt* 水稻对稻田节肢动物群落没有负面的影响(刘志诚等, 2003), Li 等后来对 5 个转 *Bt* 基因水稻品系的研究也没有发现和相应的对照田存在差异(Li et al. 2007), Marvier 等对 42 个田间试验进行 Meta 分析发现转 *Bt* 基因棉花和 *Bt* 玉米上对无脊椎动物的数量没有影响,但是农药却能够显著降低他们的密度(Marvier et al. 2007)。

前人的研究结果虽然说明 *Bt* 水稻对节肢动物群落没有负面影响,但是大部分是基于表达 *Cry1A* 系列蛋白的水稻,新型的转 *cry1C*、*cry2A* 或 *cry1Ab/ip3H* 基因水稻品系在田间的条件下可能同 *Cry1A* 系列具有不同表现,同时依据转基因作物的个案分析原则,任何一种新的材料在释放之前都必须经过严格的评估。基于此,我们在田间条件下系统评价了转 *cry1C*、*cry2A* 或 *cry1Ab/ip3H* 水稻品系 T1C-19、T2A-1 和 G6H1 及其相应的对照亲本对稻田节肢动物群落的影响。

## 1 材料和方法

供试材料和试验方法见第二章

## 2 结果

### 2.1 节肢动物功能团类群组成、密度及优势度

#### 2.1.1 转 *cry1Ab* 基因粳稻

在杭州试验点,五年的调查共获得节肢动物 134,144 头,隶属于 99 科,其中 2008 年为 28,550 头,2009 年为 34,699 头,2010 年为 16,919 头,2011 年为 35,347 头,2012 年为 18,629 头,各功能团类群组成及总优势度见表 3.1。转基因粳稻与对照相比,各功能团类群组成及其优势类群相似。植食类昆虫的优势类群为飞虱科和叶蝉科;寄生性昆虫则随着年代的不同优势类群有所差异,主要是姬蜂科、茧蜂科、金小蜂科、锤角细蜂科或者缨小蜂科等中的三类;捕食类天敌中,捕食性昆虫的优势类群是盲蝽科(黑肩绿盲蝽)、宽尾蝽科(尖勾宽尾蝽)和舞虻科,蜘蛛类主要是肖蛸科、球腹蛛科和狼蛛科;腐食类昆虫的优势类群主要为弹尾目的等节跳虫科和圆跳虫科。其他类昆虫的优势类群主要是摇蚊科和蚊科。

各个功能团的平均优势度和密度以及相应的时间动态见表 3.6,表 3.7,图 3.11 和图 3.12。从结果中可以得知,植物类为优势功能团所占比例依据年份的变化在 36%到 75%之间波动,其次为捕食类和腐食类,然后是其他类,寄生性昆虫所占的比例最低,小于 4%。需要指出的是腐食类所占的比例年度见波动较大,2008 和 2009 年所占的比例较低在 3.44%到 10.38%之间,然而 2010-2012 年其所占比例在 21.49%到 40.24%之间波动。各个功能团的优势度和相应的平均密度在 *Bt* 水稻和对照之间除个别年代之外,基本上没有显著差异 ( $P>0.05$ ),虽然寄生性昆虫密度和优势度多以非转基因的对照亲本 (KCK) 为高,但是并没有达到显著水平。

表 3.6 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间功能团和整个节肢动物群落密度的年度变化

Table 3.6 Mean densities of arthropod whole-communities and sub-communities in *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice (KCK) plots at Hangzhou during 2008-2012

Year	Lines	Herbivores	Parasitoids	Predators	Detritivores	Others	Whole-arthropod
2008	KMD1	298.04±47.96	1.20±0.24	57.00±9.07	22.60±12.45	13.24±3.92	392.08±61.16
	KMD2	247.60±35.82	1.88±0.39	51.88±7.12	16.92±3.54	9.84±2.74	328.12±43.33
	KCK	310.28±49.11	1.96±0.40	60.40±9.34	31.84±14.91	17.32±5.88	421.80±64.35

Year	Lines	Herbivores	Parasitoids	Predators	Detritivores	Others	Whole-arthropod
	$F_{2,60}; P$	1.63; 0.205	1.60; 0.211	0.24; 0.786	1.59; 0.213	0.79; 0.451	2.05; 0.137
2009	KMD1	383.80±29.57a	2.64±0.41	75.28±8.00	43.08±12.63	15.08±2.75	519.88±43.11a
	KMD2	275.48±23.63b	2.80±0.58	63.56±8.83	46.28±11.37	19.00±3.48	407.12±31.51b
	KCK	338.96±33.59ab	3.84±0.54	65.20±7.39	36.68±10.91	16.28±2.77	460.96±44.73ab
	$F_{2,60}; P$	5.86; <b>0.005</b>	1.55; 0.220	2.69; 0.076	0.82; 0.445	0.61; 0.545	3.81; <b>0.028</b>
2010	KMD1	104.40±24.84	3.72±0.52	42.08±6.74	105.08±30.48	7.64±0.96	262.92±61.08
	KMD2	110.40±30.94	3.80±0.78	33.76±3.95	39.36±7.33	7.44±1.05	194.76±39.30
	KCK	105.48±25.16	4.56±0.52	33.60±4.10	67.52±20.83	7.92±0.79	219.08±49.50
	$F_{2,60}; P$	0.28; 0.757	1.55; 0.220	0.78; 0.465	0.78; 0.462	0.33; 0.717	0.27; 0.765
2011	KMD1	188.46±28.67ab	5.71±0.71	29.17±4.50a	148.51±25.37	39.37±4.24a	411.23±50.43a
	KMD2	141.23±17.91b	4.46±0.71	18.80±2.93b	111.63±14.15	16.97±2.63c	293.09±24.90b
	KCK	246.86±38.83a	6.31±0.94	28.34±3.99a	159.83±25.03	28.69±4.11b	470.03±57.64a
	$F_{2,84}; P$	7.95; <b>0.001</b>	1.45; 0.2404	10.99; <b>&lt;0.001</b>	1.01; 0.3768	19.93; <b>&lt;0.001</b>	5.78; <b>0.004</b>
2012	KMD1	88.86±9.32a	2.69±0.36	17.77±1.63	125.43±32.68	42.17±12.10a	276.91±38.96a
	KMD2	68.83±5.41b	3.06±0.38	16.97±1.52	68.06±10.75	18.14±6.13b	175.06±15.16b
	KCK	69.03±5.87b	3.03±0.44	19.74±1.96	76.29±18.53	13.66±2.18b	181.74±22.51b
	$F_{2,84}; P$	4.07; <b>0.021</b>	0.36; 0.698	0.57; 0.568	1.30; 0.277	6.85; <b>0.002</b>	8.08; <b>0.001</b>

Means ±SE (No. of 0.25 m<sup>2</sup>) based on the 5, 5, 5, 7, and 7 sample dates during 2008-2012, respectively, with three replicate plots each year. Values within the column at the same year followed by the same letters are not significantly different based on repeated-measures ANOVA using Proc mixed followed by Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ .  $P$  values in bold indicate that values had significant differences among rice types.

表 3.7 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间功能团比例的年度变化

Table 3.7 Dominance distribution (%) of arthropod sub-communities in *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice (KCK) lines at Hangzhou during 2008-2012

Year	Lines	Herbivores	Parasitoids	Predators	Detritivores	Others
2008	KMD1	71.54±2.62	0.37±0.09	15.80±1.48	3.44±1.04	8.84±2.59
	KMD2	70.28±2.15	0.86±0.18	15.72±0.67	5.02±1.00	8.12±2.23
	KCK	69.35±3.27	0.70±0.17	14.38±1.23	3.99±1.32	11.58±3.61
	$F_{2,60}; P$	0.64; 0.532	2.88; 0.064	0.82; 0.446	2.85; 0.066	1.40; 0.254
2009	KMD1	74.82±1.48a	0.54±0.08	14.50±1.02	6.58±1.44	3.56±0.63b
	KMD2	67.78±2.37b	0.83±0.20	14.98±1.66	10.36±2.46	6.05±1.18a
	KCK	73.18±1.47ab	1.18±0.21	14.51±1.21	5.87±1.34	5.26±1.05ab
	$F_{2,60}; P$	4.18; <b>0.002</b>	2.65; 0.079	0.01; 0.992	2.22; 0.118	4.39; <b>0.017</b>

Year	Lines	Herbivores	Parasitoids	Predators	Detritivores	Others
2010	KMD1	38.58±2.12b	2.94±0.72	23.77±2.05	26.96±2.86	7.76±1.51
	KMD2	45.37±3.15a	3.68±1.01	22.97±2.28	21.49±1.44	6.49±1.01
	KCK	43.38±2.13ab	3.80±0.66	23.33±2.49	22.07±1.89	7.42±1.25
	$F_{2,60}; P$	5.12; <b>0.009</b>	1.52; 0.228	0.13; 0.879	2.22; 0.118	0.26; 0.775
2011	KMD1	42.55±2.12b	1.51±0.17	7.16±0.80	36.94±2.83	11.83±1.28a
	KMD2	45.94±2.91ab	1.53±0.16	6.16±0.70	40.24±3.72	6.14±1.00b
	KCK	50.48±2.62a	1.37±0.19	6.32±0.59	34.03±3.05	7.80±1.15b
	$F_{2,84}; P$	3.90; <b>0.024</b>	0.64; 0.529	0.86; 0.428	1.67; 0.194	10.41; <b>&lt;0.001</b>
2012	KMD1	36.98±2.43	1.44±0.32	9.00±1.23b	33.84±4.06	18.74±3.63a
	KMD2	42.05±1.96	2.10±0.34	11.46±1.34a	32.69±3.31	11.71±2.64b
	KCK	43.53±2.68	2.21±0.43	13.20±1.63a	30.84±3.63	10.22±1.79b
	$F_{2,84}; P$	2.78; 0.067	3.04; 0.0530	7.62; <b>0.001</b>	0.24; 0.791	4.96; <b>0.010</b>

Means ±SE based on the 5, 5, 5, 7, and 7 sample dates in 2008 through 2012, respectively, with three replicate plots each year. Values within column at the same year followed by the same letter are not significantly different based on repeated-measures ANOVA using Proc mixed followed by Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ .  $P$  values in bold indicate that values have significant differences among rice types.

### 2.1.2 转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻

在三年两地的调查中,共获得节肢动物 69,965 头,隶属于 95 科,其中长兴 I 试验点 2010 年为 6,204, 2011 年为 19,186, 长兴 II 试验点 2010 年为 16,132 头, 2011 年为 15,828 头, 2012 年为 16,215 头,各功能团类群组成及总优势度见表 3.2 和表 3.3。转基因粳稻与对照相比,各功能团类群组成及其优势类群相似。植食类昆虫的优势类群为飞虱科、叶蝉科和水蝇科;寄生性昆虫则随着年代和地点的不同优势类群有所差异,主要是姬蜂科、茧蜂科、金小蜂科、锤角细蜂科、缨小蜂科或者赤眼蜂科等;捕食类天敌中,捕食性昆虫的优势类群是盲蝽科(黑肩绿盲蝽)、宽尾蝽科(尖勾宽尾蝽)和舞虻科,蜘蛛类主要是肖蛸科、球腹蛛科、狼蛛科或微蛛科;腐食类昆虫的优势类群主要为弹尾目的长角跳虫科、等节跳虫科和圆跳虫科。其他类昆虫的优势类群主要是摇蚊科和蚊科。

各个功能团的平均优势度和密度以及相应的时间动态见表 3.8,表 3.9,图 3.14,图 3.15,图 3.16 和图 3.17。从结果中可以得知,植食类为优势功能团所占比例依据年份和地点的不同在 32%到 65%之间波动,其次为腐食类或捕食类,然后是其他类,寄生性昆虫所占的比例最低,小于 4%。各个功能团的优势度和相应的平均密度在 *Bt* 水稻和对照之间除个别年代和地点之外基本上没有显著差异 ( $P>0.05$ ),虽然寄生性昆虫密度和比例多以非转基因的对

照亲本 (XS110) 为高。

表 3.8 长兴 I 和长兴 II 试验点 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间各功能团和节肢动物总密度的年度变化

Table 3.8 Mean densities of arthropod whole-communities and sub-communities in *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110) in 2010, 2011, and 2012 at two sites

Sites	Year	Lines	Herbivores	Parasitoids	Predators	Detritivores	Others	All density
Changxing I	2010	G6H1	120.00±34.26	2.87±0.51	22.53 ±4.53	23.13 ±8.50	6.40 ±1.23	174.93 ±38.20
		XS110	167.20±62.89	5.40 ±1.00	24.73 ±5.15	28.80 ±7.82	12.53 ±4.32	238.67 ±72.20
		<i>F</i> <sub>1,20</sub> ; <i>P</i>	0.76; 0.394	2.11; 0.161	0.16; 0.692	0.55; 0.486	2.11; 0.162	1.56; 0.227
	2011	G6H1	169.49±19.59	5.26 ±0.79	14.80 ±1.99	100.09 ±24.81	6.71 ±1.60	296.34 ±40.60
		XS110	156.91 ±14.61	4.80 ±0.59	14.34 ±1.83	69.37 ±14.07	6.46 ±1.29	251.83 ±25.36
		<i>F</i> <sub>1,56</sub> ; <i>P</i>	0.01; 0.928	0.10; 0.754	0.02; 0.886	0.05; 0.818	0.03; 0.874	0.09; 0.769
Changxing II	2010	G6H1	139.98±53.05	2.40±0.63	16.42±4.03	17.82±9.00	13.98±3.21	190.60±64.68
		XS110	126.07±44.77	2.29±0.48	19.71±4.56	5.51±1.57	14.31±3.68	167.89±50.03
		<i>F</i> <sub>1,20</sub> ; <i>P</i>	0.56; 0.467	0.07; 0.797	0.85; 0.367	0.77; 0.392	0.01; 0.938	0.07; 0.797
	2011	G6H1	30.32±2.96*	1.42±0.28*	14.02±1.26	32.30±9.76	68.22±27.29	146.27±28.52
		XS110	35.02±3.08	3.10±0.54	10.23±0.92	6.52±1.07	62.68±27.40	117.53±27.92
		<i>F</i> <sub>1,108</sub> ; <i>P</i>	4.38; <b>0.039</b>	16.25; < <b>0.001</b>	4.48; 0.037	2.26; 0.135	0.94; 0.334	2.03; 0.158
	2012	G6H1	46.55 ±3.58*	1.87 ±0.30*	24.75 ±1.62	6.97 ±2.77*	38.30 ±8.47	118.43 ±9.45*
		XS110	26.68 ±1.84	3.18 ±0.32	21.25 ±1.42	7.00 ±1.14	33.70 ±7.30	91.82 ±8.61
		<i>F</i> <sub>1,108</sub> ; <i>P</i>	36.48; < <b>0.001</b>	29.23; < <b>0.001</b>	3.44; 0.064	10.45; <b>0.002</b>	0.98; 0.3235	16.32; < <b>0.001</b>

Means ±SE (No. of 0.25 m<sup>2</sup>) based on the 5, and 7 sample dates at Changxing I in 2010 and 2011 and 5, 6, and 6 sample dates from 2010 through 2012 at Changxing II, respectively, with three replicate plots each year. Values within the column at the same year followed by asterisk \* are not significantly different based on Student's *t* test, *P*=0.05. *P* values in bold indicate that values have significant differences between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110) plots.

表 3.9 长兴 I 和长兴 II 试验点 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间功能团比例的年度变化

Table 3.9 Dominance distribution (%) of arthropod sub-communities in *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110) in 2010, 2011, and 2012 at two sites in China

Sites	Year	Lines	Herbivores	Parasitoids	Predators	Detritivores	Others
Changxing I	2010	G6H1	59.80±5.51	2.23±0.36	15.48±1.99	15.89±5.25	6.60±1.66
		XS110	57.46±5.76	3.96±0.99	13.41±1.63	14.61±3.29	10.56±3.57

		$F_{1,20}; P$	0.47; 0.502	1.29; 0.270	0.67; 0.4227	0.00; 0.996	2.36; 0.140	
	2011	G6H1	64.39±2.54	2.05±0.27	5.34±0.49	25.63±3.02	2.59±0.60	
		XS110	64.85±1.96	2.29±0.31	5.74±0.59	24.50±2.49	2.65±0.51	
		$F_{1,56}; P$	0.01; 0.918	1.05; 0.311	0.24; 0.629	0.07; 0.793	0.05; 0.822	
Changxing II	2010	G6H1	50.99±7.49	2.27±0.69	16.34±3.17	7.11±1.93	23.30±6.61	
		XS110	55.52±6.52	3.13±1.20	16.03±1.80	5.13±1.35	20.19±5.78	
			$F_{1,20}; P$	0.66; 0.426	0.39; 0.538	0.10; 0.757	1.03; 0.322	0.31; 0.586
	2011	G6H1	33.56±2.80*	1.23±0.23*	17.48±1.65	15.92±2.99*	31.82±3.97	
		XS110	45.54±2.72	3.82±0.57	14.47±1.38	8.05±1.05	28.14±3.64	
			$F_{1,108}; P$	21.42; <0.001	30.44; <0.001	1.91; 0.170	4.58; 0.035	1.29; 0.259
	2012	G6H1	43.52±2.63*	1.67±0.25*	22.55±1.06*	4.48±1.12*	27.78±3.26	
		XS110	32.99±1.75	3.69±0.33	26.36±1.50	8.38±1.14	28.58±3.07	
			$F_{1,108}; P$	22.84; <0.001	37.8; <0.001	4.92; 0.029	19.3; <0.001	0.69; 0.407

Means ±SE based on the 5, and 7 sample dates at Changxing I in 2010 and 2011 and 5, 6, and 6 sample dates from 2010 through 2012 at Changxing II, respectively, with three replicate plots each year. Values within column at the same year followed by asterisk \* are not significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ . *P* values in bold indicate that values have significant differences between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110) plots.

### 2.1.3 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻

在二年三地的调查中,共获得节肢动物 95,576 头,隶属于 97 科,其中金华试验点 2011 年为 17,945 头,2012 年为 39,700 头,长兴 I 试验点 2012 年为 29,211 以及长兴 II 试验点 2012 年为 8,720 头。各功能团类群组成及总优势度见表 3.4 和表 3.5。转基因粳稻与对照相比,各功能团类群组成及其优势类群相似。植食类昆虫的优势类群为飞虱科、叶蝉科、秆蝇科或水蝇科;寄生性昆虫则随着年代和地点的不同优势类群有所差异,主要是姬蜂科、茧蜂科、金小蜂科、锤角细蜂科或缨小蜂科等;捕食类天敌中,捕食性昆虫的优势类群是盲蝽科(黑肩绿盲蝽)和舞虻科,蜘蛛类主要是肖蛸科、球腹蛛科、狼蛛科和微蛛科;腐食类昆虫的优势类群主要为弹尾目的等节跳虫科和圆跳虫科。其他类昆虫的优势类群主要是摇蚊科和蚊科。

各个功能团的平均优势度和密度以及相应的时间动态见表 3.10,表 3.11,图 3.20,图 3.21,图 3.22 和图 3.23。从结果中可以得知,植食类为优势功能团所占比例在依据年份和地点的不同在 39%到 63%之间波动,其次为腐食类和捕食类,然后是其类,寄生性昆虫所占的比例最低,小于 3%。各个功能团的优势度和相应的平均密度在 *Bt* 水稻和对照之间除个别年代和地点之外基本上没有显著差异 ( $P>0.05$ ),虽然寄生性昆虫密度多以非转基因的对

照亲本 (MH63) 为高, 在金华试验点的 2011 年及长兴 I 和长兴 II 试验点的 2012 年, 不同的水稻品种之间存在显著差异。

表 3.10 2011-2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间  
功能团和节肢动物总密度的年度变化

Table 3.10 Mean densities of arthropod whole-communities and sub-communities in *Bt*  
(T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) plots at three sites during 2010-2012

Year	Lines	Herbivores	Parasitoids	Predators	Detritivores	Others	Whole-arthropod
2011 <sup>a</sup>	T1C-19	164.16±43.51	2.60±0.33ab	31.36±5.42	5.60±0.60b	15.44±3.38	219.16±48.26
	MH63	231.60±51.86	4.70 ±0.67a	42.55 ±7.05	8.05 ±0.83ab	9.20 ±1.04	296.10±58.58
	T2A-1	182.84±52.35	2.08±0.52b	31.44±4.06	12.28±2.26a	13.32±2.15	241.96±56.90
	<i>F</i> <sub>2,60</sub> ; <i>P</i>	1.79; 0.175	5.71; <b>0.005</b>	1.55; 0.222	8.29; <b>0.001</b>	0.27; 0.764	1.97; 0.148
2012 <sup>a</sup>	T1C-19	208.97±22.59	5.03±0.74	27.91±3.60	135.77±18.84a	11.51±1.88	389.20±41.10a
	MH63	249.20±34.51	5.37±0.55	31.11±4.11	120.40±27.99ab	12.80±2.07	418.89±62.41ab
	T2A-1	193.57±25.22	4.77±0.53	25.80±3.53	89.34±22.39b	12.71±2.07	326.20±42.48b
	<i>F</i> <sub>2,84</sub> ; <i>P</i>	2.49; 0.082	1.14; 0.325	2.08; 0.132	6.41; <b>0.003</b>	0.15; 0.851	4.79; <b>0.011</b>
2012 <sup>b</sup>	T1C-19	48.85±8.95	1.64±0.20b	27.33±2.82	11.48±3.58	32.91±14.22	122.21±13.38
	MH63	51.17±12.40	2.32±0.33a	27.58±3.23	10.20±3.31	31.76±2.66	123.02±14.18
	T2A-1	58.59±10.81	1.88±0.27b	27.92±2.50	14.91±4.25	27.15±10.71	130.44±14.37
	<i>F</i> <sub>2,30</sub> ; <i>P</i>	1.18; 0.321	5.20; <b>0.012</b>	0.43; 0.652	0.18; 0.837	0.33; 0.724	0.32; 0.730
2012 <sup>c</sup>	T1C-19	45.44±5.62ab	2.16±0.34b	22.40±2.39b	11.44±6.13b	8.28±1.98b	89.72±11.22b
	MH63	55.24±5.83a	4.40±0.68a	34.20±3.42a	60.20±16.29a	9.72±1.68b	163.76±23.76a
	T2A-1	44.12±7.46b	2.12±0.41b	25.12±2.75b	12.68±5.42b	11.28±4.06a	95.32±13.49b
	<i>F</i> <sub>2,60</sub> ; <i>P</i>	4.24; <b>0.019</b>	6.59; <b>0.003</b>	7.70; <b>0.001</b>	20.82 ; <b>&lt;0.001</b>	5.10; <b>0.009</b>	14.83; <b>&lt;0.001</b>

Means ±SE (No. of 0.25 m<sup>2</sup>) based on the 5, and 7 sample dates in 2011 and 2012 at Jinhua (a) and 5, and 5 sample dates in 2012 at Changxing I (b) and Changxing II (c), respectively, with three replicate plots each year. Values within column at the same year followed by the same letters are not significantly different based on repeated-measures ANOVA using Proc mixed followed by Tukey's multiple-range test, *P*=0.05. *P* values in bold indicate that values have significant differences among rice types.

表 3.11 2011-2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 功能团比例的年度变化Table 3.11 Dominance distribution (%) of arthropod sub-communities in *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) in 2011 and 2012 at three sites in China

Year	Lines	Herbivores	Parasitoids	Predators	Detritivores	Others
2011 <sup>a</sup>	T1C-19	61.59±0.67	2.17±0.36a	17.23±1.03	4.39±0.67b	14.60±3.56
	MH63	60.35±0.92	2.61±0.48a	17.88±1.16	5.64±0.92ab	13.52±3.11
	T2A-1	58.90±0.80	1.50±0.47b	18.96±2.07	7.00±0.80a	13.64±2.90
	<i>F<sup>a</sup>,P</i>	0.70; 0.500	<b>5.84; 0.005</b>	0.13; 0.881	6.21; <b>0.004</b>	0.0.7; 0.929
2012 <sup>a</sup>	T1C-19	55.30±2.77b	1.40±0.21	7.04±0.49	33.17±2.77a	3.09±0.38
	MH63	61.29±2.24a	2.02±0.28	7.89±0.57	25.25±2.24b	3.55±0.49
	T2A-1	62.29±2.14a	2.01±0.27	<b>8.00±0.59</b>	23.18±2.14b	4.52±0.72
	<i>F<sup>b</sup>,P</i>	5.54; <b>0.006</b>	2.92; 0.060	0.90; 0.412	7.25; <b>0.001</b>	1.99; 0.143
2012 <sup>b</sup>	T1C-19	41.41±5.21	1.48±0.19b	23.73±2.03	11.44±3.32	21.94±7.09
	MH63	43.70±5.19	2.29±0.31a	23.23±1.46	11.21±3.32	19.57±6.24
	T2A-1	44.17±5.29	1.70±0.36b	22.88±1.61	11.74±3.13	19.51±6.51
	<i>F<sub>2,30</sub>; P</i>	0.49; 0.618	5.93; <b>0.007</b>	0.05; 0.955	0.05; 0.951	1.15; 0.330
2012 <sup>c</sup>	T1C-19	51.12±3.87a	2.62±0.40	26.60±2.12	6.76±2.22b	12.90±3.54
	MH63	39.13±3.44b	2.81±0.29	24.43±1.74	23.14±4.22a	10.47±2.82
	T2A-1	46.17±3.70a	2.88±0.66	29.33±2.19	9.11±2.05b	12.50±3.73
	<i>F<sub>2,60</sub>; P</i>	9.78; <b>&lt;0.001</b>	0.37; 0.690	1.87; 0.163	19.35; <b>&lt;0.001</b>	0.65; 0.524

Means ±SE based on the 5, and 7 sample dates in 2011 and 2012 at Jinhua (a) and 5, and 5 sample dates in 2012 at Changxing I (b) and Changxing II (c), respectively, with three replicate plots each year. Values within column at the same year followed by the same letter are not significantly different based on repeated-measures ANOVA using Proc mixed followed by Tukey's multiple-range test,  $\alpha=0.05$ . *P* values in bold indicate that values have significant differences among rice types.

## 2.2 节肢动物群落参数动态

### 2.2.1 转 *cry1Ab* 基因粳稻

研究表明, KMD1、KMD2 与对照之间的物种丰富度, Shannon-wiener 多样性指数,

均匀度指数和 Simpson 优势集中性指数因调查年份的不同有所差异, 除个别年份之外, 总体上来说 *Bt* 水稻和对照之间并没有显著的差异 ( $P>0.05$ ) (表 3.12)。

物种丰富度, Shannon-wiener 多样性指数, 均匀度指数和 Simpson 优势集中性指数 (图 3.13) 的时间动态在 *Bt* 水稻和对照之间除极个别取样时间点有差异之外, 总体上来说趋势基本一致。

表 3.12 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间节肢动物群落参数的年度变化

Table 3.12 Diversity indices of arthropod communities between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice (KCK) plots at Hangzhou during 2008-2012

Year	Lines	<i>S</i>	<i>H'</i>	<i>J</i>	<i>C</i>
2008	KMD1	15.04±0.88	2.26±0.09b	0.60±0.03ab	0.66±0.03b
	KMD2	16.00±0.78	2.46±0.07a	0.63±0.02a	0.71±0.02a
	KCK	16.60±0.88	2.30±0.06ab	0.58±0.02b	0.69±0.02ab
	<i>F</i> <sub>2,60</sub> ; <i>P</i>	2.78; 0.070	4.59; <b>0.014</b>	3.95; <b>0.024</b>	4.12; <b>0.021</b>
2009	KMD1	20.04±0.65	2.35±0.08	0.55±0.02b	0.66±0.03
	KMD2	18.60±0.67	2.50±0.07	0.60±0.02a	0.72±0.02
	KCK	19.68±0.62	2.41±0.08	0.56±0.02ab	0.68±0.02
	<i>F</i> <sub>2,60</sub> ; <i>P</i>	1.97; 0.148	1.35; 0.266	3.21; <b>0.047</b>	2.98; 0.058
2010	KMD1	20.16±1.33	3.07±0.08	0.73±0.02	0.83±0.01
	KMD2	18.12±0.94	2.97±0.11	0.73±0.03	0.79±0.03
	KCK	19.52±1.18	2.98±0.08	0.71±0.02	0.80±0.01
	<i>F</i> <sub>2,60</sub> ; <i>P</i>	2.61; 0.082	0.79; 0.459	0.67; 0.516	2.85; 0.066
2011	KMD1	22.83±1.20a	2.66±0.06a	0.60±0.02a	0.75±0.01a
	KMD2	19.66±1.07b	2.27±0.07b	0.54±0.02b	0.65±0.02b
	KCK	22.34±1.31a	2.40±0.06b	0.55±0.02b	0.69±0.01b
	<i>F</i> <sub>2,84</sub> ; <i>P</i>	10.18; <b>&lt;0.001</b>	10.02; <b>&lt;0.001</b>	5.75; <b>0.005</b>	11.45; <b>&lt;0.001</b>
2012	KMD1	18.06±0.80	2.40±0.11	0.58±0.02b	0.69±0.02
	KMD2	16.46±0.83	2.57±0.11	0.65±0.02a	0.73±0.02
	KCK	17.89±0.93	2.71±0.10	0.67±0.02a	0.75±0.02
	<i>F</i> <sub>2,84</sub> ; <i>P</i>	2.89; 0.061	2.71; 0.073	5.28; <b>0.007</b>	2.88; 0.062

Means ±SE based on the 5, 5, 5, 7, and 7 sample dates in 2008 through 2012, respectively, with three replicate plots each year. Values within column at the same year followed by the same letters are not significantly different based on repeated-measures ANOVA using Proc mixed followed by Tukey's multiple-range test,  $\alpha=0.05$ . *S*, *H'*, *C* and *J* represent for species richness, Shannon-Wiener diversity index, Simpson dominance concentration index and

Evenness index, respectively. *P* values in bold indicate that values have significant differences among rice types.

### 2.2.2 转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻

研究表明，转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻 G6H1 与对照之间的物种丰富度，Shannon-wiener 多样性指数，均匀度指数和 Simpson 优势集中性指数因调查年份和地点的不同有所差异，除个别年份和地点之外，总体上说 *Bt* 水稻和对照之间的节肢动物群落参数没有显著差异 ( $P>0.05$ ) (表 3.13)。

物种丰富度，Shannon-wiener 多样性指数，均匀度指数和 Simpson 优势集中性指数 (图 3.18 和图 3.19) 的时间动态在 *Bt* 水稻和对照之间除个别取样时间点有差异之外，总体上说趋势基本一致。

表 3.13 长兴 I 和长兴 II 试验点 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间节肢动物群落参数的年度变化

Table 3.13 Diversity indices of arthropod communities between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110) in 2010, 2011, and 2012 at two sites in China

Sites	Year	Lines	<i>S</i>	<i>H'</i>	<i>J</i>	<i>C</i>
Changxing I	2010	G6H1	17.73±1.35	2.74±0.16	0.68±0.04	0.75±0.04
		XS110	17.07±1.06	2.73±0.18	0.68±0.05	0.73±0.05
		<i>F</i> <sub>1,20</sub> ; <i>P</i>	0.34; 0.566	0.00; 0.979	0.00; 0.953	0.15; 0.706
	2011	G6H1	20.26±1.00	2.71±0.08	0.64±0.01	0.76±0.01
		XS110	19.23±1.01	2.64±0.07	0.63±0.02	0.76±0.01
		<i>F</i> <sub>1,56</sub> ; <i>P</i>	1.11; 0.298	0.99; 0.324	0.05; 0.824	0.26; 0.613
Changxing II	2010	G6H1	24.13±1.85	2.61±0.26	0.58±0.06	0.66±0.06
		XS110	24.80±2.00	2.60±0.22	0.58±0.05	0.66±0.05
		<i>F</i> <sub>1,20</sub> ; <i>P</i>	0.17; 0.689	0.00; 0.957	0.03; 0.862	0.02; 0.884
	2011	G6H1	14.42±0.65	2.61±0.11*	0.69±0.03	0.72±0.03
		XS110	13.62±0.71	2.37±0.11	0.65±0.03	0.68±0.03
		<i>F</i> <sub>1,108</sub> ; <i>P</i>	2.18; 0.143	6.05; <b>0.016</b>	2.78; 0.098	2.50; 0.1168
2012	G6H1	17.05±0.47	2.51±0.05	0.62±0.01	0.71±0.01	
	XS110	17.78±0.64	2.55±0.05	0.62±0.01	0.69±0.01	
	<i>F</i> <sub>1,108</sub> ; <i>P</i>	1.44; 0.233	0.32; 0.575	0.23; 0.635	0.78; 0.380	

Means ±SE based on the 5, and 7 sample dates at Changxing I in 2010 and 2011 and 5, 6, and 6 sample dates from 2010 through 2012 at Changxing II, respectively, with three replicate plots each year. Values within column at the same year followed by the same letter are not significantly different based on Student's *t* test,  $\alpha=0.05$ . *S*, *H'*, *C* and *J* represent for species richness, Shannon-Weaver diversity index, Simpson dominance concentration index and

Evenness index, respectively. *P* values in bold indicate that values have significant differences between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110) plots.

2.2.3 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻

研究表明, T1C-19、T2A-1 与对照之间的物种丰富度, Shannon-wiener 多样性指数, 均匀度指数和 Simpson 优势集中性指数因调查年份和地点的不同有所差异, 除个别年份和地点之外, 总体来说 *Bt* 水稻和对照之间的节肢动物群落参数没有显著差异 ( $P>0.05$ ) (表 3.14)。

物种丰富度, Shannon-wiener 多样性指数, 均匀度指数和 Simpson 优势集中性指数 (图 3.24 和图 3.25) 的时间动态在 *Bt* 水稻和对照之间除极个别取样时间点有差异之外, 总体来说趋势基本一致。

表 3.14 2011-2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间节肢动物群落参数的年度变化

**Table 3.14 Diversity indices of arthropod communities between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) plots in 2011 and 2012**

Year	Line	<i>S</i>	<i>H'</i>	<i>J</i>	<i>C</i>
2011 <sup>a</sup>	T1C-19	15±0.73	2.40±0.13	0.63±0.04	0.66±0.04
	MH63	17±0.67	2.47±0.13	0.62±0.04	0.67±0.04
	T2A-1	15±0.65	2.47±0.14	0.64±0.04	0.68±0.04
	<i>F</i> <sub>2,60</sub> ; <i>P</i>	2.65; 0.079	0.51; 0.603	0.64; 0.530	0.28; 0.757
2012 <sup>a</sup>	T1C-19	24±0.85	2.77±0.06	0.61±0.04b	0.75±0.01
	MH63	24±0.72	2.81±0.09	0.62±0.02ab	0.74±0.02
	T2A-1	23±0.81	2.94±0.08	0.66±0.02a	0.77±0.02
	<i>F</i> <sub>2,8</sub> ; <i>P</i>	0.49; 0.615	2.56; 0.084	3.80; <b>0.026</b>	1.67; 0.194
2012 <sup>b</sup>	T1C-19	29.93±1.02	2.77±0.17	0.56±0.03	0.71±0.04
	MH63	33.27±1.03	2.91±0.14	0.58±0.03	0.73±0.03
	T2A-1	31.60±1.44	2.83±0.15	0.57±0.03	0.72±0.03
	<i>F</i> <sub>2,30</sub> ; <i>P</i>	3.00; 0.065	0.88; 0.424	0.21; 0.810	0.47; 0.629
2012 <sup>c</sup>	T1C-19	15.24±0.96b	2.71±0.12	0.70±0.02	0.74±0.03
	MH63	19.08±1.07a	2.83±0.09	0.68±0.02	0.75±0.02
	T2A-1	14.88±0.83b	2.75±0.11	0.71±0.02	0.76±0.02
	<i>F</i> <sub>2,60</sub> ; <i>P</i>	15.61; <b>&lt;0.001</b>	0.79; 0.457	1.71; 0.190	0.48; 0.619

Means ±SE based on the 5, and 7 sample dates in 2011 and 2012 at Jinhua (a) and 5, and 5 sample dates from in 2012 at Changxing I (b) and Changxing II (c), respectively, with three replicate plots each year. Values within column at the same year followed by the same letters are not significantly different based on repeated-measures

ANOVA using Proc mixed followed by Tukey's multiple-range test,  $\alpha=0.05$ . *S*, *H'*, *C* and *J* represent for species richness, Shannon-Weaver diversity index, Simpson dominance concentration index and Evenness index, respectively. *P* values in bold indicate that values have significant differences among rice types.

## 2.3 节肢动物对 *Bt* 水稻的整体响应分析

### 2.3.1 转 *cry1Ab* 基因梗稻

PRC 和物种权重的分析结果见图 3.1、表 3.15 以及表 3.16, 除 2009 年 KMD2 和 2012 年的 KMD1 和对照之间存在差异之外, 其他年份中 *Bt* 水稻和对照之间的整个节肢动物群落都没有显著差异。2008 年到 2012 年中 *Bt* 水稻和对照节肢动物群落之间的不同, 水稻品种只能解释总变异的 6.1%、11.6%、7.8%、10.8%和 13.9%, 其中 57.38%、75%、94.87%、60.19% 和 82.73%能够在 PRC 分析的第一轴得到体现, 但是取样时间能够解释总变异的 66.6%、57.3%、69.4%、45.7%和 28.7%。综合分析 2008-2012 年的数据时, 水稻品种只能解释 7.5%, 其中 40%能够在 PRC 分析的第一轴得到体现, 但是取样时间能够解释总变异的 75.7%。综上所述, 节肢动物群落的不同很大程度到是由于取样时间导致的, 水稻品种引起的变化所占的比例比较小。

物种权重在大于 0.5 或者小于-0.5 之间是能够影响到整个 PRC 曲线的趋势, 而权重在 0.5 和-0.5 之间的物种则基本上没有影响。从物种权重分析的结果中看 (表 3.15), *Bt* 水稻和对照之间物种的权重并没有随着年代的不同一致性的降低或者升高, 同时把影响曲线趋势的具有高权重的物种做进一步的分析, 可以明确的是只有少数物种的密度在水稻品种之间存在显著差异。

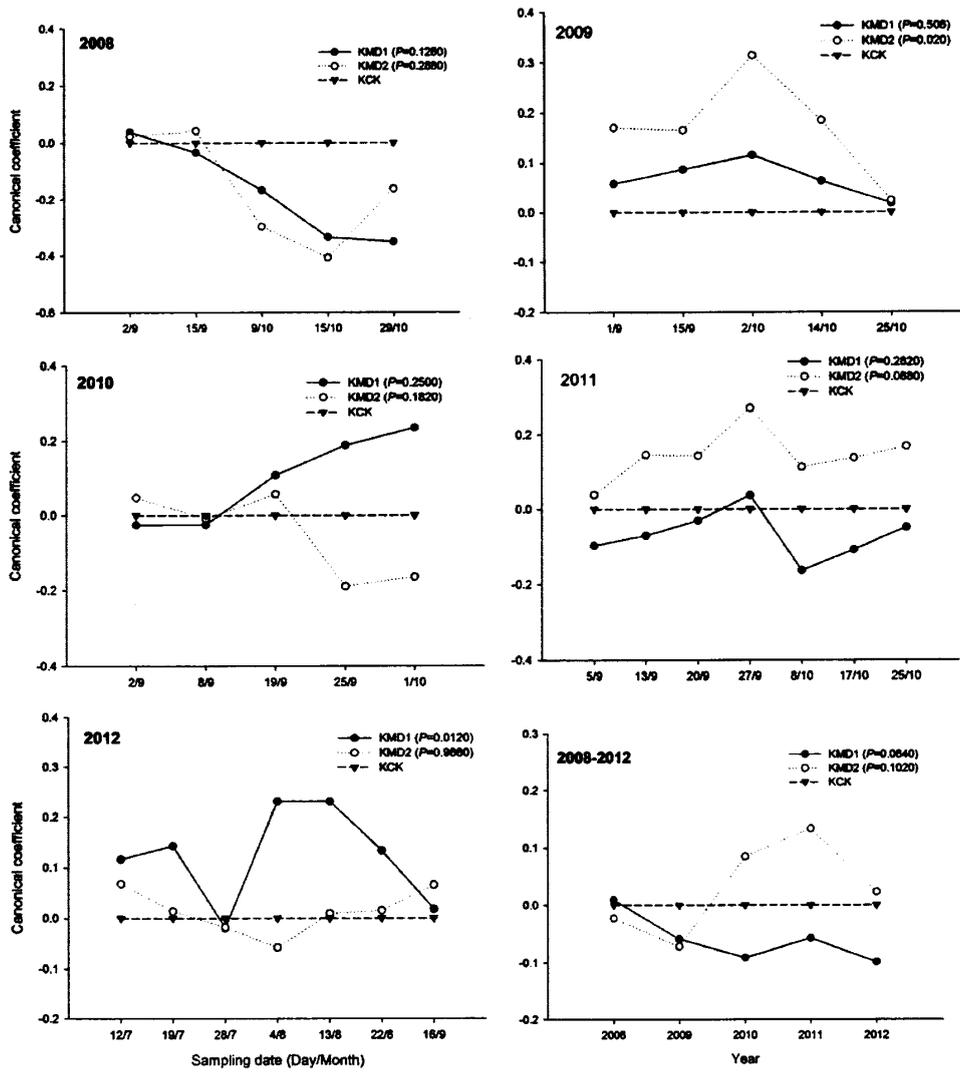


图 3.1 杭州试验点 2008-2012 年整个节肢动物群落对 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照 (KCK) 响应的 PRC 分析

Fig 3.1 PRCs of the unsprayed non-*Bt* (KMD1 and KMD2) and *Bt* rice (KCK). Taxa with species weights between -0.5 and 0.5 are not listed because these have little influence on the curves.

表 3.15 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间物种权重的年度变化

Table 3.15 Species weight identified from PRCs analysis during 2008-2012 at Hangzhou							
功能团 Guilds	学名 Family	2008	2009	2010	2011	2012	2008-2012
<b>植食类昆虫</b>	<b>Herbivores</b>						
飞虱科	Delphacidae	1.9969	-1.123	0.1455	-1.0623	0.9926	-0.4402
叶蝉科	Cicadellidae	0.1584	-2.0714	1.5717	-3.6124	1.8434	-1.8385
秆蝇科	Chloropidae	2.2178	0.457	-2.1689	-1.1181	0.1306	-0.4091
水蝇科	Ephydriidae	1.5683	2.8868	0.3793	-1.4788	-1.9901	-0.6603
夜蛾科	Noctuidae	-0.0817		-0.0107		0.1307	-0.0233
螟蛾科	Pyralididae	-0.1644	-2.8129	0.3985	-1.5855	0.5201	-0.6052
螽斯科	Tettigoniidae					-0.0504	-0.0143
锥头蝗科	Pygomorphidae			0.0254	-0.3698	0.4028	-0.3085
斑腿蝗科	Catantopidae		-0.4859	0.2539	-0.4944	-0.1109	-0.3983
斑翅蝗科	Oedipodidae			-0.0205	-0.0754		-0.1513
象甲科	Curculionidae		0.1204	0.3139	0.0167	0.2395	-0.2213
大蚊科	Tipulidae			-0.004	-0.3857	-0.5185	-0.4505
盲蝽科	Miridae	-0.2506	-0.0767	0.6836	-0.8983	0.8332	-1.0164
瓢甲科	Coeelididae		0.2445		-0.1517		-0.1222
蓟马科	Thripidae	-0.3049		0.888	0.0009	0.3053	-0.2944
管蓟马科	Phlaeothripidae	0.1681	0.4694	1.1512	-0.4303	0.1289	-0.4441
蚜科	Aphididae	-3.3403	0.7194	0.3474	0.2943	0.1353	-1.314
花蝇科	Anthomyiidae	-0.0021	-0.1053	-0.0468	-0.3283	-0.057	-0.1488
瘿蚊科	Cecidomyiidae	0.738	-0.3109	0.4433	-0.2412	0.018	-0.7207
蝽科	Pentatomidae	0.5509	0.1162		0.0887	-0.0423	0.0683
金龟子	Scarabaeidae				0.1235		0.061
实蝇科	Tephritidae		-0.0282	0.7573	-0.249		-0.5592
水虻科	Stratiomyidae		0.1345		-0.0864	-0.0419	-0.0961
眼蕈蚊科	Sciariidae	0.0622	0.2941	-0.0066	0.0261	0.3017	-0.0489
跳蝽科	Saldidae	0.0058	0.12	0.0004	0.1235	0.0461	0.0415
缘蝽科	Coreidae			0.1627		0.1497	-0.0859
叶甲科	Chrysomelidae	0.0773	0.1121	0.3652	-0.3658	-0.0081	-0.4115
潜蝇科	Agromyzidae		0.1462	0.1627	-0.065		-0.1389
蝼蛄	Gryllotalpidae				-0.13	-0.0081	-0.1347
网蝽科	Tingidae		-0.0282		0.0949		0.0491
叶蜂科	Tenthredinidae		-0.0282				-0.0119
<b>寄生类昆虫</b>	<b>Parasitoids</b>						
寄蝇科	Tachinidae		-0.0396	0.366	-0.0396	-0.0143	-0.1348
头蝇科	Pipunculidae	0.2476	-0.0844	-0.0392	-0.3272	0.0415	-0.351
分盾细蜂科	Ceraphronidae	-0.1144	0.0553	0.0095	0.1644	0.2981	0.1252
螯蜂科	Dryinidae				-0.1675	0.2192	-0.147
肿腿蜂科	Bethylidae	-0.0021		-0.0203	-0.0864	0.2117	-0.0831
环腹瘦蜂科	Figitidae	-0.1223	-0.0258	-0.0006	-0.0694		0.0212
姬蜂科	Ichneumonidae	0.2249	0.0426	0.0027	0.1286	-0.2679	0.3287

功能团 Guilds	学名 Family	2008	2009	2010	2011	2012	2008-2012
茧蜂科	Braconidae	0.6569	-1.5168	-0.0072	0.4105	-1.3093	0.8097
赤眼蜂科	Trichogrammatidae	-0.1882	-0.2349	1.0892	-0.2795	-0.1186	-0.3557
缨小蜂科	Mymaridae	-0.4402	1.2633	0.4648	-1.9498	0.1651	-1.5108
姬小蜂科	Eulophidae	0.5584	-0.7482	0.5501	-1.1199	0.7041	-1.0119
金小蜂科	Pteromalidae	0.1269	-1.2555	0.2513	-0.6512	-0.4415	-0.3665
跳小蜂科	Encyrtidae	-0.2153	0.459	-0.0226	1.0404	-0.0465	0.4322
广肩小蜂科	Eurytomidae	0.1052	-0.1317	-0.236	0.1361	-0.3262	0.2895
小蜂科	Chalcididae		-0.3136				0.0682
锤角细蜂科	Diapriidae	-0.0382	-0.2287	0.1701	-0.0275	0.1273	0.6594
缘腹细蜂科	Scelionidae	-0.0561	-0.2245	0.0919	-0.1805	0.2202	-0.3915
<b>捕食性天敌</b>	<b>Predators</b>						
蜻科	Libellulidae		-0.2049				0.0341
螳科	Coenagrionidae		-0.0258	-0.0452	0.1976	-0.7224	0.2494
长足虻科	Dolichopodidae	-0.12	-0.7966	0.2092	0.1714	0.0543	0.1741
舞虻科	Empididae	2.0947	0.2777	1.1251	-1.869	-0.0829	-1.1228
宽尾蜻蜓科	Veliidae	-2.015	-0.0265	0.5262	-1.4759	2.8601	-2.2705
黑肩绿盲蝽	<i>Cyrtorhinus livipennis</i>	2.574	-1.9239	1.3787	-0.4442	0.9826	-0.7974
瓢虫科	Coccinellidae	0.1339	0.0579	0.278	-0.1102	0.5805	-0.3939
花蝽科	Anthoridae	-0.0966	0.3825	0.5509	-2.2427	-0.3762	-1.4107
食蚜蝇科	Syrphinae	-0.1223	-0.43		0.0963		0.1859
步甲科	Carabidae	-0.097	0.0058		-0.1167	-0.2615	-0.0924
水蝽科	Mesoveliidae	-0.1086	-0.3809	0.2036		-0.4841	0.2599
草蛉科	Chrysopidae			0.0004			0.0016
隐翅甲科	Staphilinidae	-0.2232	0.2311	-0.0396	-0.6903	1.0882	-0.9702
沼蝇科	Sciomyzidae	-0.0595	-0.3985	-0.1608	0.1272	0.0453	0.2795
食虫虻科	Asilidae		-0.2049				0.0341
蚁科	Formicidae		0.0516	0.06	-0.1697	-0.0472	-0.2397
负子蝽	Belostomatidae	-0.0082					0.0108
姬蝽科	Nabidae		-0.1698	-0.0472	-0.1936	-0.602	0.2275
猎蝽科	Reduviidae	-0.1939	-0.3406		-0.0481		-0.0793
龙虱科	Dytiscidae	-0.0674				-0.3452	0.2966
胡蜂科	Vespidae			0.0338	0.057	-0.1495	-0.1688
长蝽科	Lygaeidae				0.0125		-0.0143
微蛛科	Micryphantidae	-1.0014	-1.6431	1.1169	0.1794	0.6857	0.0966
球腹蛛科	Theridiidae	-0.8948	-3.3036	-0.2949	-1.4775	0.5277	-0.8827
狼蛛科	Lycosidae	-1.1703	-0.4381	1.0752	0.0035	0.2164	-0.2796
肖蛸科	Tetragnathidae	-2.4943	-0.1816	0.1215	-2.1779	0.3918	-1.1318
跳蛛科	Salticidae	0.1739	-0.1576	0.1627	0.1622	-0.1483	0.1592
蟹蛛科	Thomisidae	0.0171	0.1039	-0.297	-0.1427	0.1749	-0.237
圆蛛科	Araneidae	-0.0137	-0.827	-0.267	0.0188	0.0159	0.1157
盗蛛科	Pisauridae					0.0927	0.06
管巢蛛科	Clubionidae				0.0125	-0.2211	-0.053

功能团 Guilds	学名 Family	2008	2009	2010	2011	2012	2008-2012
幽灵蛛科	Pholcidae				-0.1074	-0.0868	-0.0194
<b>腐食类昆虫</b>	<b>Detritivores</b>						
长角跳科	Entomobryidae	-1.6705	1.981	3.6898	-2.2779	1.2139	-5.1643
等节跳虫科	Isotomidae	0.3486	2.504	3.6534	-2.3646	0.4508	-4.8503
圆跳虫科	Sminthuridae	1.432	-1.6011	3.788	-0.2978	1.9538	-1.8084
球角跳虫科	Hypogastruridae		-0.1723				0.0629
蠓科	Ceratopogonidae	1.5522	2.5156	0.329	-2.4768	0.3443	-2.2871
蛾蠓科	Psychodidae	0.7681	-0.2119	-3.0814	-0.4205	0.7492	1.3442
蚤蝇科	Phoridae	2.0961	-2.0718	0.6445	-0.1587	-0.3491	-0.058
粪蚊科	Scatopsidae		0.2146	0.4281	-0.1987	0.4189	-0.3191
菌蚊科	Mycetophilidae	0.2733	-0.2814	0.1182	-0.2017	-0.1501	-0.0519
粪蝇科	Scathophagidae		0.1443		0.0636		-0.0363
水龟甲科	Hydrophilidae	-0.0392	-0.12	0.1627			-0.016
<b>其他类</b>	<b>Others</b>						
摇蚊科	Chironomidae	-0.0178	2.1057	-0.4843	-3.9501	6.3513	-3.1316
蚊科	Culicidae	-0.1614	-0.816	0.4136	-0.4487	1.7234	-1.0049
果蝇科	Drosophilidae	0.233	-0.0929	-0.2383	-0.2243		0.0344
虻科	Tabanidae		-0.0258	-0.1631		-0.075	0.0708
蝇科	Muscidae		-0.2961		-0.1143		-0.2101
丽蝇科	Calliphoridae		0.1599				-0.0444
蜜蜂科	Apidae					-0.0339	0.0143

表 3.16 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间高物种权重类群密度的年度变化

Table 3.16 Mean densities of species groups identified from the PRC between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice (Xisuhui 11).

Taxa	2008			2009			2010			2011			2012			$F_{2,60}$	P
	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK		
<b>Herbivores</b>																	
飞虱科	50.08±4.48b	55.52±7.73ab	83.16±14.35a	47.32±3.99	43.8±2.25	68.12±19.16	84.48±12.18	93.2±19.58	87.52±5.42	147.97±31.74ab	119.2±11.96b	207.83±41.60a	19.66±0.86	16.4±0.56	16.97±1.13	4.57	<b>0.0142</b>
叶蝉科	214.48±30.69	160.88±17.97	192.6±13.40	256.08±24.10a	158.84±10.88b	226.64±18.64a	8.56±1.29	7.64±0.35	8.24±0.73	21.37±4.93a	9.37±1.34b	14.46±2.78a	61.34±5.16a	44.69±2.99ab	41.66±5.62b	11.73	<b>&lt;0.0001</b>
秆蝇科	1.84±0.27b	3.32±0.82ab	4.84±1.20a	6.28±1.00	6.2±0.33	6.08±0.31	1.52±0.29	2.2±0.30	2.4±0.26	2.63±0.95ab	1.69±0.55b	3.34±1.01a	1.8±0.37	1.34±0.26	1.77±0.38	3.38	<b>0.0406</b>
水蝇科	6.48±0.28	7.8±2.18	10.8±2.77	57.28±5.94a	49.12±4.81a	27.64±3.69b	1.68±0.36	2.48±0.80	2.2±0.37	7.54±2.72	4.4±1.05	7.63±1.84	3.06±0.68b	3.31±0.59b	5.69±0.53a	0.66	0.5191
螟蛾科	0.12±0.05	0.16±0.04	0.12±0.08	1.64±0.44a	0.52±0.14b	1.84±0.40a	2.6±0.51	1.72±0.36	2.48±0.49	1.63±0.37a	0.83±0.12b	1.37±0.12ab	1.29±0.29	1.74±0.09	1.54±0.37	4.05	<b>0.0223</b>
大蚊科							0.4±0.13a	0.2±0.13b	0.08±0.05b	0.14±0.06	0.03±0.03	0.17±0.07	0.09±0.06b	0.09±0.06b	0.34±0.15a	1.37	0.263
盲蝽科	0	0.12±0.08	0	0.04±0.04	0.2±0.11	0.08±0.08	0.28±0.14a	0.04±0.04b	0.04±0.04b	1.34±0.15	1±0.18	1.14±0.10	0.31±0.14	0.11±0.08	0.14±0.05	1.67	0.1974
蓟马科	0	0.24±0.24	0				0.2±0.06	0.04±0.04	0.08±0.05	0.09±0.03	0.09±0.03	0.09±0.03	0.17±0.07	0.23±0.09	0.14±0.06	0.63	0.537
管蓟马科	0	0	0.04±0.04	0	0.08±0.05	0.04±0.04	0.6±0.14a	0.28±0.10b	0.28±0.10b	0.29±0.10	0.17±0.07	0.23±0.13	0.11±0.05	0.29±0.06	0.14±0.11	0.64	0.6359
蚜科	24.12±7.01	18.92±2.38	17.52±4.23	14.36±2.53ab	15.88±3.46a	7.96±0.99b	0.48±0.10	0.4±0.11	0.52±0.10	3.51±0.66b	3.34±0.89b	9.03±1.62a	0.06±0.03	0	0	0.07	0.9283
瘿蚊科	0.4±0.14	0.16±0.04	0.6±0.19	0.32±0.14	0.16±0.04	0.28±0.15	2.72±0.26a	2.04±0.36a	1.24±0.33b	0.91±0.27	0.66±0.07	0.66±0.18	0.43±0.26	0.17±0.05	0.26±0.14	3.21	<b>0.0474</b>
实蝇科	0	0	0	0.04±0.04	0	0	0.32±0.05a	0.12±0.12b	0c	0.14±0.06a	0.03±0.03b	0.06±0.03ab				7.73	<b>0.001</b>
<b>Parasitoids</b>																	
寄蝇科	0	0	0	0.04±0.04a	0b	0b	0.16±0.04	0.08±0.05	0.08±0.08	0.06±0.03b	0.09±0.09ab	0.11±0.07a	0.03±0.03	0.03±0.03	0.03±0.03	0.29	0.7466
头蝇科	0.16±0.07	0.08±0.05	0.16±0.07	0.24±0.07	0.04±0.04	0.04±0.04	0.04±0.04	0	0.08±0.08	0.23±0.06	0.06±0.03	0.09±0.06	0.11±0.05	0.17±0.07	0.06±0.03	3.45	<b>0.0382</b>
分后细蜂科	0.04±0.04	0.04±0.04	0.04±0.04	0.12±0.12	0.04±	0	0	0	0.04±0.04	0.03±0.03	0.09±0.03	0.03±0.03	0.06±0.03	0.11±0.03	0.06±0.03	0.4	0.6723
蜜蜂科										0.06±0.06	0	0.09±0.06	0.03±0.03	0.03±0.03	0	0.39	0.6774
肿腿蜂科	0	0	0.04±0.04	0			0	0	0.04±0.04	0.03±0.03	0	0	0.03±0.03	0	0	1.05	0.356
环腹瘦蜂科	0.04±0.04	0	0	0.04±0.04	0	0	0.08±0.05	0.08±0.05	0.16±0.07	0.09±0.03	0.11±0.05	0.17±0.08				0.52	0.595
姬蜂科	0.08±0.05	0.16±0.07	0.24±0.12	0.16±0.04	0.28±0.05	0.28±0.05	0	0.04±0.04	0.04±0.04	0.46±0.03	0.54±0.15	0.63±0.19	0.6±0.05	0.8±0.10	0.91±0.29	2.82	0.067
茧蜂科	0.08±0.05b	0.32±0.08ab	0.64±0.25a	0.48±0.20b	0.48±0.15b	1.24±0.23a	0.44±0.15	0.52±0.19	0.8±0.23	0.8±0.15	0.83±0.20	0.54±0.03	0.31±0.07	0.69±0.16	0.37±0.09	4.41	<b>0.0164</b>
赤眼蜂科	0.16±0.12	0.32±0.14	0.2±0.09	0.28±0.14	0.24±0.19	0.24±0.10	0.48±0.16	0.28±0.15	0.52±0.17	0.34±0.12	0.26±0.07	0.4±0.12	0.09±0.03	0.17±0.10	0.17±0.03	0.33	0.722

Taxa	2008			2009			2010			2011			2012			$F_{1,50}$	$P$
	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK		
瘦小蜂科	0.20±0.06b	0.24±0.16a	0b	0.08±0.08	0.44±0.19	0.08±0.05	0.44±0.06	0.32±0.15	0.44±0.15	1.4±0.24ab	0.57±0.12b	1.89±0.49a	0.17±0.07	0.03±0.03	0.14±0.09	0.91	0.4092
姬小蜂科	0	0	0.2±0.15	0.2±0.11	0.32±0.19	0.28±0.12	0.36±0.12	0.2±0.06	0.44±0.12	0.54±0.08a	0.23±0.10b	0.83±0.20a	0.4±0.15	0.17±0.11	0.29±0.06	4.69	<b>0.0128</b>
金小蜂科	0	0.28±0.08	0.04±0.04	0.68±0.15ab	0.56±0.07b	1.12±0.24a	0.36±0.07	0.28±0.12	0.24±0.07	1±0.32	0.57±0.14	0.6±0.19	0.29±0.06	0.2±0.03	0.49±0.12	0.55	0.5795
跳小蜂科	0.24±0.07	0.32±0.08	0.28±0.08	0.04±0.04	0.2±0.11	0.08±0.05	0.24±0.07	0.2±0.09	0.12±0.08	0.37±0.10b	0.89±0.15a	0.66±0.12ab	0.09±0.03	0.03±0.03	0.09±0.03	2.42	0.0979
广府小蜂科	0	0	0.04±0.04	0.04±0.04	0	0.08±0.08	0b	0.04±0.04ab	0.12±0.08a	0	0.06±0.03	0.06±0.03	0.03±0.03	0.09±0.03	0.06±0.03	2.64	0.0798
小蜂科				0	0	0.08±0.05										2.67	0.0777
锤角细蜂科	0.12±0.08	0.04±0.04	0.08±0.05	0.24±0.07	0.2±0.09	0.24±0.10	0.96±0.39	1.68±0.55	1.44±0.31	0.14±0.05	0.11±0.05	0.11±0.08	0.2±0.11	0.29±0.15	0.23±0.03	0.35	0.7039
缘腹细蜂科	0.08±0.05	0.08±0.05	0	0	0	0.08±0.05	0.2±0.11	0.08±0.05	0	0.17±0.08	0.06±0.03	0.11±0.05	0.26±0.03	0.26±0.09	0.14±0.08	2.24	0.1152
<b>Predators</b>																	
总科				0.04±0.04	0	0	0.08±0.08	0	0	0	0.09±0.06	0.03±0.03	0.03±0.03c	0.14±0.06b	0.29±0.06a	0.97	0.3844
长足虻科	0.2±0.09	0.32±0.12	0.44±0.12	0.24±0.12ab	0.08±0.05b	0.36±0.13a	0.04±0.04	0.08±0.05	0.04±0.04	0.71±0.22	0.71±0.19	0.4±0.11	0.26±0.03	0.09±0.03	0.23±0.07	0.34	0.7109
舞虻科	0.84±0.38	0.8±0.14	1.68±0.29	3.84±0.43	2.44±0.44	3.4±0.65	1.24±0.09	0.92±0.29	0.96±0.19	3.31±1.13a	1.23±0.32b	1.51±0.46b	1.06±0.15	1.29±0.19	1.34±0.37	2.5	0.0902
宽尾蝇科	9.4±1.02	6.24±1.40	7.84±2.18	18.92±3.61b	20.84±4.07a	11.72±3.04b	0.44±0.20	0.64±0.37	0.16±0.10	1.71±0.51a	0.51±0.13b	1.09±0.21ab	1.11±0.32a	0.2±0.06b	0.06±0.03b	6.32	<b>0.0032</b>
黑府绿盲蝽	22.24±2.88b	20.52±3.06b	33.32±5.50a	35.88±3.17	27.44±2.12	30.6±1.71	30.6±1.99	23.04±2.31	23.8±1.24	8.14±1.06b	7.49±1.13b	11.6±1.06a	5.43±0.51	5.71±0.62	5.51±0.72	4.7	<b>0.012</b>
瓢虫科	0.04±0.04	0.12±0.08	0.08±0.08	0.12±0.08	0.28±0.08	0.2±0.09	0.2±0.09	0.04±0.04	0.04±0.04	0.86±0.14	0.94±0.10	1.09±0.21	0.17±0.08	0.03±0.03	0.11±0.05	0.01	0.9887
花蝽科	0.2±0.11	0.04±0.04	0.12±0.08	0.52±0.16	0.28±0.12	0.24±0.10	0.68±0.15	0.52±0.10	0.56±0.29	2.17±0.37a	0.83±0.15b	2.06±0.30a	0.57±0.16	0.51±0.15	0.77±0.12	5.36	<b>0.0072</b>
隐翅甲科	0.12±0.08	0.28±0.14	0.2±0.06	0.16±0.12	0.28±0.10	0.2±0.09	0	0	0.16±0.04	0.51±0.22	0.23±0.10	0.4±0.10	0.89±0.14a	0.23±0.12b	0.66±0.12a	2.08	0.1339
沼蝇科	0.04±0.04	0	0	0.16±0.07	0.08±0.05	0.16±0.07	0	0.08±0.05	0	1.23±0.26	1.26±0.17	1.43±0.46	0.23±0.07	0.29±0.09	0.23±0.03	0.02	0.9842
蜘蛛科	2.4±0.30	2.2±0.52	1.64±0.32	0.44±0.12b	0.56±0.18b	1.68±0.41a	0.64±0.19	0.2±0.15	0.72±0.52	0.11±0.03	0.17±0.08	0.17±0.07	1.49±0.19ab	1.31±0.15ab	2.44±0.42a	2.94	0.0607
球腹蛛科	13.08±1.70	15.2±2.00	11.16±2.49	7.88±1.09ab	6±1.12b	10±1.13a	2.36±0.54	2.48±0.30	2.04±0.44	0.97±0.16	0.37±0.15	1.06±0.30	1.37±0.28	0.86±0.12	1±0.31	1.21	0.3055
狼蛛科	2.6±0.30	2.16±0.40	1.8±0.52	0.52±0.10	0.4±0.13	0.52±0.28	0.6±0.11a	0.16±0.07b	0.16±0.12b	0.8±0.17	0.94±0.21	0.94±0.22	1.66±0.19	2±0.35	2.11±0.40	1.02	0.3678
肖蛸科	5.52±0.84a	3.72±0.26a	1.92±0.31b	3.96±0.44	3.8±0.47	4.04±0.52	4.72±0.39	5.24±0.50	4.52±0.63	8.06±0.81a	3.69±0.58b	6.17±0.94a	2.11±0.37ab	1.94±0.38b	2.83±0.21a	5.14	<b>0.0087</b>
跳蛛科	0	0.04±0.04	0.04±0.04	0.04±0.04	0	0.04±0.04	0.04±0.04	0	0	0	0.09±0.06	0.06±0.03	0.03±0.03	0.09±0.06	0.06±0.03	0.5	0.6071
蟹蛛科	0.04±0.04	0.08±0.05	0.04±0.04	0.12±0.08	0.04±0.04	0.04±0.04	0	0.12±0.05	0.04±0.04	0.14±0.16	0.06±0.03	0.11±0.05	0.26±0.05a	0.03±0.03b	0.17±0.03a	1.21	0.3066
西蛛科	0.08±0.05	0	0.04±0.04	0.76±0.30a	0.32±0.14b	0.8±0.33a	0.08±0.05	0.12±0.08	0.12±0.05	0.03±0.03	0.03±0.03	0.06±0.06	0.29±0.08	0.17±0.03	0.23±0.07	1.43	0.2479
<b>Detritivores</b>																	

万方数据

Taxa	2008			2009			2010			2011			2012			$F_{7,26}$	P
	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK		
长角跳科	0.12±0.05b	5.52±3.38a	0.44±0.39b	1.2±0.36	1.8±0.14	0.72±0.20	10.72±2.30a	3.28±1.10b	6.56±1.18a	5.66±3.00a	1.34±0.36b	2.31±0.45ab	5.89±1.84	3.46±0.48	4.06±1.31	1.67	0.1965
等节跳虫科	3.28±1.44	2.68±1.03	2.96±1.18	35.84±10.97	40.32±9.27	31.2±8.84	68.72±13.91	15.44±4.18	45.36±8.74	78.46±21.17a	36.43±4.21b	66.63±14.84a	1.06±0.51	0.46±0.39	0.57±0.30	4.08	<b>0.0218</b>
圆跳虫科	13.8±10.68	4.56±1.27	20.24±12.36	2.08±0.54	0.2±0.11	0.88±0.26	16.04±1.00a	7.2±2.04ab	6.04±1.11b	56.14±14.52	70.43±8.93	86.26±6.82	115.86±29.24	62.97±9.81	69.97±10.68	2.33	0.1056
蝗科	4.16±0.99	3.48±0.52	5.88±0.91	1.52±0.36	2.2±0.28	0.76±0.17	6.84±0.98	8.2±1.84	5.56±1.12	7.37±1.61a	2.77±0.38b	3.09±0.43b	2.03±0.41	0.8±0.18	1.2±0.23	2.27	0.1119
螳螂科	0.36±0.10	0.44±0.12	0.6±0.18	0.8±0.30	0.68±0.29	0.8±0.21	1.6±0.61b	4.44±0.96a	2.44±0.45b	0.46±0.23	0.49±0.11	1.26±0.22	0.31±0.16	0.29±0.10	0.11±0.03	3.1	0.0524
茧蜂科	0.8±0.21ab	0.24±0.10b	1.64±0.23a	1.44±0.41a	0.76±0.07b	1.96±0.60a	0.44±0.16ab	0.2±0.09b	0.88±0.23a	0.23±0.11	0.11±0.05	0.2±0.10	0.14±0.05	0.06±0.03	0.23±0.11	12.14	<b>&lt;0.0001</b>
Others																	
捕蚊科	11.88±1.44ab	9.12±1.47b	16.52±2.90a	12.72±1.19	18.56±2.47	14.84±1.51	6.08±	6.12±	6.04±1.12	38.37±3.90a	16.63±2.74b	27.97±5.70ab	41.09±10.43a	17.83±5.50b	12.71±2.25b	4.76	<b>0.012</b>
蚊科	1.36±0.44	0.72±0.17	0.68±0.14	0.6±0.18	0.16±0.04	0.4±0.09	1.44±	1±	1.64±0.58	0.14±0.05	0	0.09	1.09±0.41a	0.31±0.11b	0.89±0.49ab	4.35	<b>0.0172</b>

Mean±SE ( $n=3$ , No. of 0.25 m<sup>2</sup>). P values are caulated based on randomized complete block ANOVA with year as a random factor on arthropod density using Proc Mixed, Values within rows at the same year

followed by the same letters are not significantly different based on Tukey's multiple-range test,  $\alpha=0.05$ . P values in bold indicate that Values have significant differences among rice types.

2.3.2 转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻

PRC 和物种权重的分析结果见图 3.2-图 3.6 和表 3.17, 从图中可以得知除了 2011 年长兴 I 及 2011 和 2012 年长兴 II 中, *Bt* 水稻和对照之间存在差异之外, 2010 年两地点中 *Bt* 水稻和对照之间的整个节肢动物群落没有显著差异。长兴 I 试验点中, 2010 年和 2011 年中 *Bt* 水稻和对照节肢动物群落之间的差异, 水稻品种只能解释总变异的 13.1%和 9.7%, 其中 97.7%和 87.6%能够在 PRC 分析的第一轴得到体现, 但是取样时间能够解释总变异的 65%和 65.5%; 在长兴 II 试验点中, 2010 年到 2012 年, 水稻品种可以解释 1.0%、1.3%和 3.5%, 其中 100%、90%和 80%, 能够在 PRC 分析的第一轴得到体现, 但是取样时间能够解释 67.6%、32.1%和 40.9%, 综上所述, 节肢动物群落的不同很大程度到是由于取样时间导致的, *Bt* 水稻和对照之间节肢动物群落的相似性比较高。

物种权重在大于 0.5 或者小于-0.5 之间是能够影响到整个曲线的趋势, 而权重在 0.5 和 -0.5 之间的物种则基本上没有影响。从物种权重分析的结果中, 把影响曲线趋势的物种提取出来做进一步的分析, 可以明确的是 *Bt* 水稻和对照之间物种的平均密度除个别存在差异之外, 大部分在两者之间没有不同。

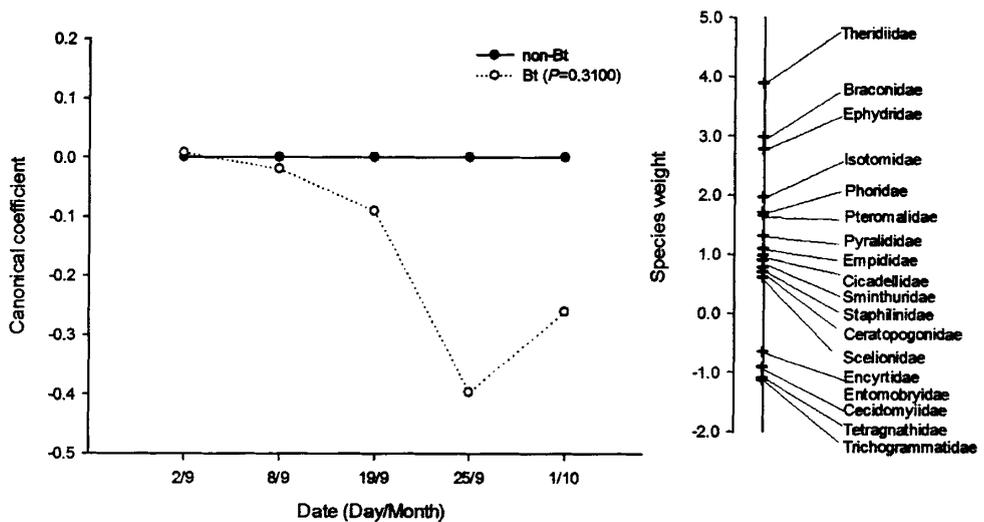


图 3.2 长兴 I 试验点 2010 年整个节肢动物群落对 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照 (XS110) 响应的 PRC 分析及物种权重

Fig.3.2 PRCs and species weights of the unsprayed *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110) at Changxing I in 2010. Taxa with species weights between -0.5 and 0.5 are not listed because these have little influence on the curves

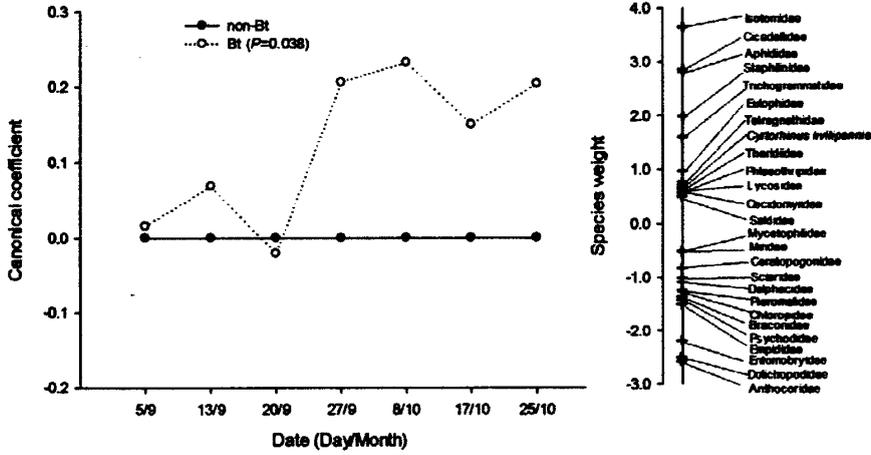


图 3.3 长兴 I 试验点 2011 年整个节肢动物群落对 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照 (XS110) 响应的 PRC 分析及物种权重

Fig.3.3 PRCs and species weights of the unsprayed *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110) at Changxing I in 2011. Taxa with species weights between -0.5 and 0.5 are not listed because these have little influence on the curves

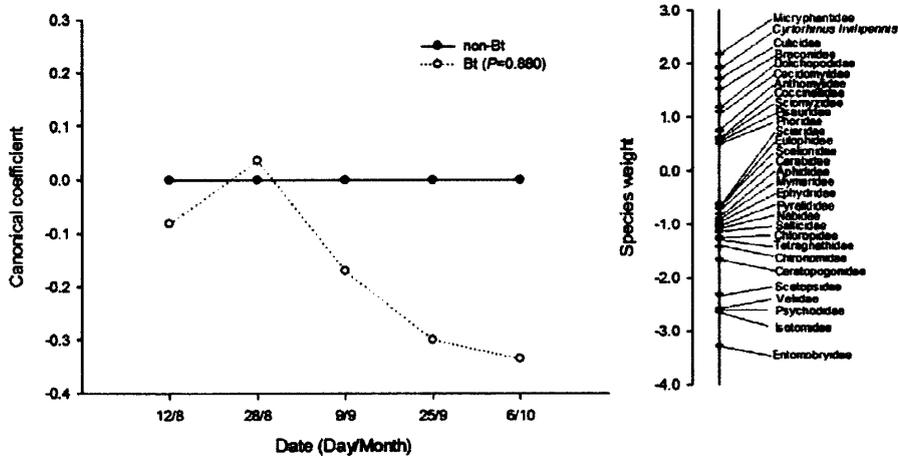


图 3.4 长兴 II 试验点 2010 年整个节肢动物群落对 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照 (XS110) 响应的 PRC 分析及物种权重

Fig.3.4 PRCs and species weights of the unsprayed *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110) at Changxing II in 2010. Taxa with species weights between -0.5 and 0.5 are not listed because these have little influence on the curves.

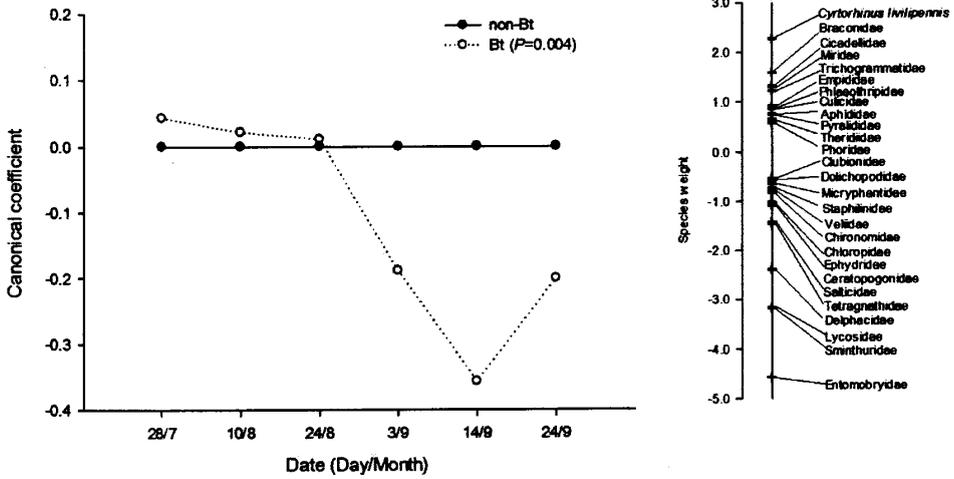


图 3.5 长兴 II 试验点 2011 年整个节肢动物群落对 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照 (XS110) 响应的 PRC 分析及物种权重

Fig.3.5 PRCs and species weights of the unsprayed *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110) at Changxing II in 2011. Taxa with species weights between -0.5 and 0.5 are not listed because these have little influence on the curves.

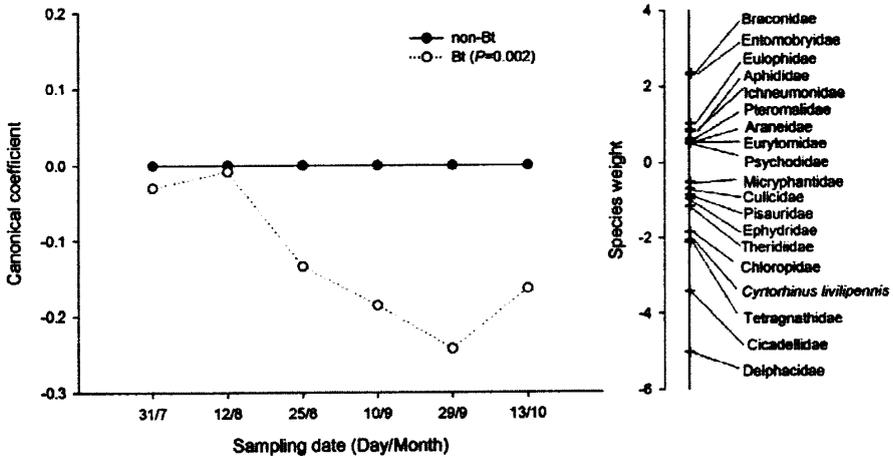


图 3.6 长兴 II 试验点 2012 年整个节肢动物群落对 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照 (XS110) 响应的 PRC 分析及物种权重

Fig.3.6 PRCs and species weights of the unsprayed *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110) at Changxing II in 2012. Taxa with species weights between -0.5 and 0.5 are not listed because these have little influence on the curves.

表 3.17 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照 (XS110) 之间有高物种权重类群密度的年度变化Table 3.17 Mean densities of species groups identified from the PRC between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110)

Taxa	2010 <sup>a</sup>		2011 <sup>a</sup>		2010 <sup>b</sup>		2011 <sup>b</sup>		2012 <sup>b</sup>		<i>Bt</i> main effect	
	Non- <i>Bt</i>	<i>Bt</i>	Non- <i>Bt</i>	<i>Bt</i>	Non- <i>Bt</i>	<i>Bt</i>	Non- <i>Bt</i>	<i>Bt</i>	Non- <i>Bt</i>	<i>Bt</i>	<i>F</i> <sub>1,52</sub>	<i>P</i>
Entomobryidae	0.07±0.07	0.20±0.00	5.89±1.87	3.40±0.40	3.47±3.07	33.87±33.07	3.70±0.88	25.60±11.43	4.45±0.67	5.03 ±2.57	1.79	0.1900
Isotomidae	12.33± 5.11	4.40±1.29	38.60± 12.31	78.46±14.09	0.80±0.80	3.60±2.27					0.61	0.4375
Sminthuridae	9.80± 3.13	13.27± 8.01	18.91±2.88	13.23±3.72	0.07±0.07	0.00±0.00	0.15±0.05	3.03±1.22	0.17±0.06	0.10±0.07	1.47	0.2303
Delphacidae	125.33± 26.75	87.07±23.38	89.26±3.87	77.57±4.85	336.87±88.39	374.20±142.02	9.82±0.93	10.88±1.15	15.58±0.81	31.18±2.45	1.10	0.2979
Cicadellidae	25.87±2.38	17.40± 0.99	37.51± 2.91	61.17±3.13	22.33±6.30	26.00±6.45	18.63±0.78	12.95±0.99	5.08± 0.41	9.12±0.57	1.48	0.2295
Chloropidae	4.73±0.18a	5.07± 0.79a	2.57±0.32a	2.31±0.32a	4.93±1.35a	6.27±1.03a	1.15±0.12a	1.43±0.23a	0.93±0.08b	1.57±0.18a	5.40	0.0237
Ephydriidae	5.20±1.01	4.33± 0.57	21.77± 0.51	20.00±2.12	5.47±1.87	4.33±0.98	2.83±0.44	3.40± 0.30	1.98±0.19	1.85±0.15	0.00	0.9926
Cecidomyiidae	1.00±0.35	1.93± 0.64	0.89±0.21	0.89± 0.16	2.20±0.81	1.40±0.12	0.57±0.12	0.72±0.10	0.25±0.06	0.22±0.05	0.53	0.4698
Miridae	0.07±0.07	0.07± 0.07	0.71±0.14	0.74±0.07			0.30±0.05	0.05±0.04	0.00±0.00	0.05±0.03	2.38	0.1286
<i>Cyrtorhinus livipennis</i>	13.73± 0.93	13.33± 1.97	5.34±0.47	6.51±1.11	28.60±5.68	19.33±5.49	0.97±0.18	0.23±0.08	2.80±0.28	4.65±0.57	0.13	0.7206
Ceratopogonidae	2.20±0.99	2.07± 0.24	4.37±0.49	3.80±0.46	10.13±1.88	11.40±1.94	1.87±0.21	3.02±0.81	1.43±0.27	1.27±0.27	0.15	0.6954
Psychodidae	3.00±0.64	2.47± 0.74	0.94± 0.24	0.69±0.09	1.20±0.58	2.73±0.47	0.08±0.04	0.10±0.05	0.17±0.04	0.08±0.04	0.00	0.9635
Phoridae	1.13± 0.13a	0.60± 0.12b	0.26±0.05a	0.31±0.14a	0.73±0.18a	0.80±0.31a	0.55±0.09a	0.32±0.09a	0.75±0.14a	0.48±0.09a	7.07	0.0102
Pyralidae	1.93±0.18	1.53± 0.13	0.26± 0.07	0.20±0.09	1.60±0.12	1.53±0.48	0.30±0.05	0.12±0.04	0.43±0.12	0.45±0.14	2.38	0.1289
Phlaeothripidae	0.13±0.07	0.07± 0.07	0.31±0.07	0.57± 0.16	0.00±0.00	0.07±0.07	0.18±0.10	0.00±0.00			0.34	0.5613
Aphididae	2.40±0.40	2.40±0.50	2.40±0.41	5.40±1.61	2.67±1.05	3.67±0.47	0.85±0.15	0.40±0.07	2.00±0.26	1.52±0.22	0.04	0.8411
Sciaridae			0.40±0.12	0.14±0.08	0.47±0.07	0.47±0.18	0.07±0.04	0.00±0.00	0.00±0.00	0.07±0.05	0.74	0.3921
Braconidae	2.13±0.24a	0.33±0.18b	0.71±0.14a	0.31±0.05b	1.40±0.31a	0.80±0.20a	0.77±0.11a	0.17±0.04b	0.77±0.10a	0.15±0.06b	86.19	<0.0001

Taxa	2010 <sup>a</sup>		2011 <sup>a</sup>		2010 <sup>b</sup>		2011 <sup>b</sup>		2012 <sup>b</sup>		<i>Bt</i> main effect	
	Non- <i>Bt</i>	<i>Bt</i>	<i>F</i> <sub>1,52</sub>	<i>P</i>								
Trichogrammatidae	0.87± 0.24	0.73±0.24	0.80±0.12	1.17±0.25	0.07±0.07	0.13±0.07	1.05±0.16	0.55±0.18	0.10±0.01	0.13±0.05	1.03	0.3136
Eulophidae	0.40± 0.00	0.40±0.00	0.31±0.08	0.71± 0.31	0.67±0.29	0.80±0.31	0.25±0.08	0.17±0.07	0.25±0.04	0.08± 0.04	0.25	0.6167
Pteromalidae	0.80± 0.31a	0.27±0.07a	0.74±0.22a	0.54± 0.13a	1.13±0.29a	0.60±0.20a	0.10±0.04a	0.07±0.04a	0.85±0.08a	0.47±0.06b	<b>9.75</b>	<b>0.0028</b>
Scelionidae	0.07± 0.07	0.20±0.12	0.03±0.03	0.06±0.03	0.33±0.13	0.53±0.33	0.12±0.06	0.10±0.04	0.12±0.06	0.13± 0.05	0.54	0.4643
Chironomidae	10.87± 2.74	5.00± 0.35	6.34±0.48	6.57± 0.83	31.67±5.09	34.87±2.58	62.20±23.30	67.80±23.62	31.72±5.54	35.83± 7.18	0.03	0.8678
Culicidae	1.53± 0.57	1.33± 0.55	0.00±0.00	0.09± 0.03	10.40±3.38	6.40± 1.79	0.42±0.11	0.27±0.09	1.88±0.40	2.35± 0.36	0.01	0.9389
Dolichopodidae	0.00± 0.00	0.20± 0.20	1.06± 0.17	0.37± 0.13	1.20±0.12	0.93±0.35	0.28±0.06	0.33±0.09	0.30±0.05	0.25± 0.09	1.30	0.2591
Empididae	1.20± 0.20a	0.67± 0.07a	1.60± 0.17a	0.91±0.26b	2.80±0.23a	3.27±0.55 a	0.77±0.14a	0.37± 0.09b	1.55± 0.19	1.20±0.18	<b>7.11</b>	<b>0.0100</b>
Veliidae	0.33± 0.33	0.13± 0.07	0.26±0.16	0.31± 0.21	0.20±0.12	1.47±0.58	1.77±0.58	2.98±0.30	1.95±0.60	1.38±0.41	2.39	0.1279
Staphilinidae	0.20± 0.12	0.07± 0.07	0.40± 0.10	0.77± 0.13	0.60±0.35	0.53±0.44	0.08±0.04	0.33± 0.09	0.15±0.03	0.17± 0.04	2.64	0.1095
Micryphantidae	0.13± 0.07	0.13± 0.13	0.09± 0.06	0.11± 0.07	10.07±3.35	5.80±1.94	1.17±0.12	1.60±0.34	5.62±0.64	6.17± 0.64	0.09	0.7625
Theridiidae	6.60± 0.23	3.60± 1.78	1.37±0.36	1.77±0.31	4.87±1.54	4.00±0.42	0.40±0.06	0.30±0.04	1.37±0.17	2.18± 0.24	0.14	0.7132
Lycosidae	0.13± 0.07a	0.07± 0.07a	0.03±0.03a	0.20±0.07a	1.47±0.07a	1.80±0.23a	1.65±0.13a	3.42±0.53b	2.40±0.25a	2.43± 0.34a	<b>6.70</b>	<b>0.0122</b>
Tetragnathidae	1.40± 0.20b	3.20± 0.31a	1.77±0.10a	2.17±0.25a	4.87±1.09a	6.60±0.76a	1.52±0.13b	2.13±0.22a	3.03±0.42a	4.03± 0.41a	<b>12.59</b>	<b>0.0008</b>
Salticidae					1.13 ±0.29a	2.33±1.23a	0.38±0.07b	0.73±0.11a.	0.35±0.12a	0.47± 0.13a	<b>4.73</b>	<b>0.0338</b>
Pisauridae					0.27±0.18	0.07±0.07	0.13±0.04	0.12±0.05	0.22±0.08	0.40±0.08	0.54	0.4642

a Changing I; b, Changxing II

Mean±SE (*n*=3, No. of 0.25 m<sup>2</sup>). *P* values are caulated based on randomized complete block ANOVA with year and site as random factor on arthropod density using Proc Mixed, Values within rows at the same year followed by the same letter are not significantly different based on Tukey's multiple-range test, *P*=0.05.

### 2.3.3 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻

PRC 和物种权重的分析结果见图 3.7-图 3.10 和表 3.18, 从图中可以得知除了长兴 II 中, *Bt* 水稻和对照之间存在差异之外, 其他的地点中 *Bt* 水稻和对照之间的相似性比较高。金华试验点中, 2011 年和 2012 年中 *Bt* 水稻和对照节肢动物群落之间的差异, 水稻品种只能解释总变异的 0.9% 和 8.9%, 其中 88.8% 和 76.4% 能够在 PRC 分析的第一轴得到体现, 但是取样时间能够解释总变异的 83.9% 和 52.5%; 在长兴 I 试验点中, 水稻品种可以解释 1.8%, 其中 50% 能够在 PRC 分析的第一轴得到体现, 但是取样时间能够解释 74.9%; 在长兴 II 试验点中, 水稻品种可以解释 31.3%, 其中 92% 能够在 PRC 分析的第一轴得到体现, 但是取样时间能够解释 39.9%, 综上所述, 节肢动物群落的不同很大程度到是由于取样时间导致的, 而除了长兴 II 试验点存在不同之外, 其余的地点和年代, *Bt* 水稻和对照之间节肢动物群落的相似性比较高。

物种权重在大于 0.5 或者小于 -0.5 之间是能够影响到整个曲线的趋势, 而权重在 0.5 和 -0.5 之间的物种则基本上没有影响。从物种权重分析的结果中, 把影响曲线趋势的物种提取出来做进一步的分析, 可以明确的是 *Bt* 水稻和对照之间物种的平均密度除个别存在差异之外, 大部分在两者之间没有不同。

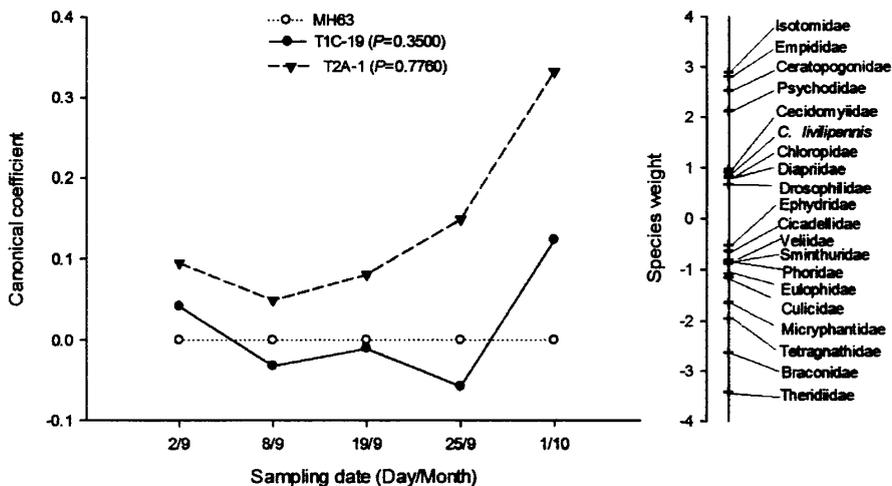


图 3.7 金华试验点 2011 年整个节肢动物群落对 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照 (MH63) 响应的 PRC 分析和物种权重

Fig.3.7 PRCs and species weights of the unsprayed *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) at Jinhua in 2011. Taxa with species weights between -0.5 and 0.5 are not listed because these have little influence on the curves.

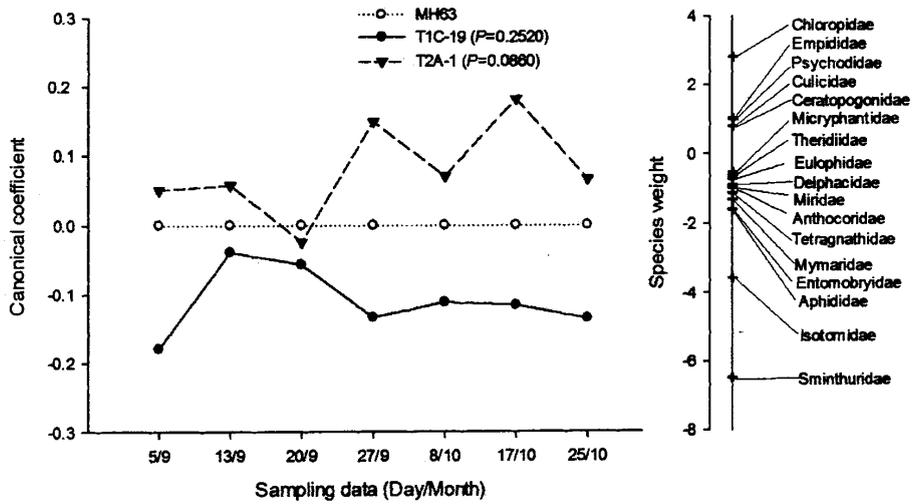


图 3.8 金华试验点 2012 年整个节肢动物群落对 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照 (MH63) 响应的 PRC 分析和物种权重

Fig.3.8 PRCs and species weights of the unsprayed *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) at Jinhua in 2012. Taxa with species weights between -0.5 and 0.5 are not listed because these have little influence on the curves.

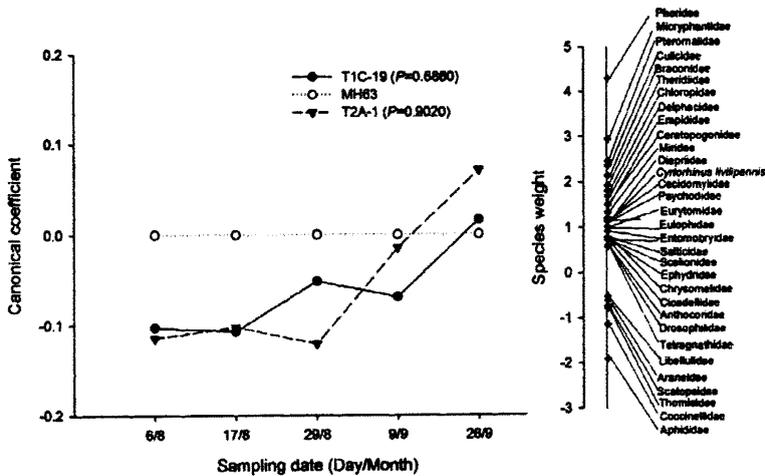


图 3.9 长兴 I 试验点 2012 年整个节肢动物群落对 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照(MH63) 响应的 PRC 分析和物种权重

Fig.3.9 PRCs and species weights of the unsprayed non-*Bt* (T1C-19 and T2A-1) and *Bt* rice (MH63) at Changxing I in 2012. Taxa with species weights between -0.5 and 0.5 are not listed because these have little influence on the curves.

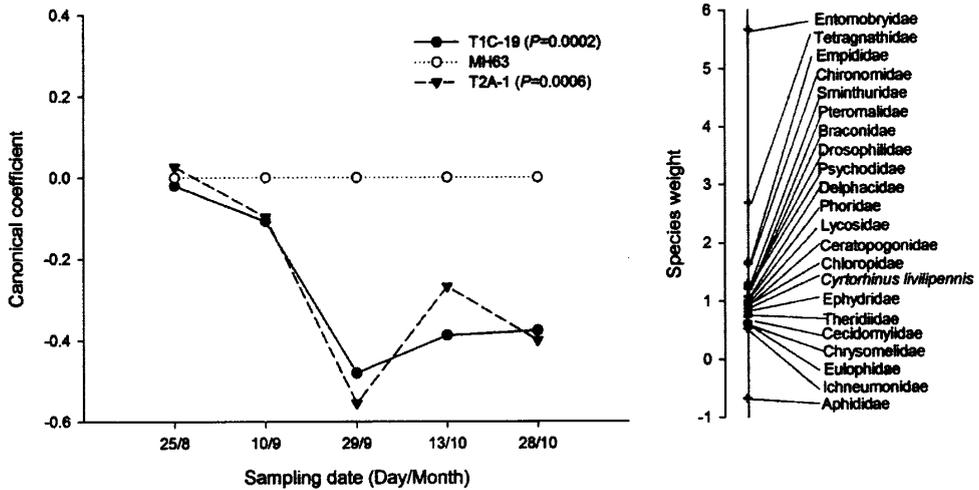


图 3.10 长兴 II 试验点 2012 年整个节肢动物群落对 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照(MH63)响应的 PRC 分析和物种权重

Fig.3.10 PRCs and species weights of the unsprayed *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) at Changxing II in 2012. Taxa with species weights between -0.5 and 0.5 are not listed because these have little influence on the curves.

表 3.18 金华试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间高物种权重类群密度的年度变化

Table 3.17 Seasonal density of species groups identified from the PRC between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) lines in 2011 and 2012 at Jinhua

Taxon	2011					2012				
	T1C-19	T2A-1	MH63	$F_{2,60}$	$P$	T1C-19	T2A-1	MH63	$F_{2,84}$	$P$
<b>Herbivores</b>										
Delphacidae	140.60±41.51	158.52±50.67	166.32±47.35	2.14	0.1268	157.91±21.25ab	137.91±22.80b	197.29±32.94a	3.43	<b>0.0369</b>
Cicadellidae	6.48±1.16	6.36±0.88	6.12±0.95	0.29	0.7486	23.43±2.13	22.71±2.49	22.06±1.96	0.29	0.7483
Chloropidae	5.00±0.86	5.84±1.06	4.88±0.82	0.64	0.5298	5.97±0.76b	11.29±1.22a	9.31±1.00a	10.18	<b>0.0001</b>
Ephydriidae	4.56±0.45	4.04±0.52	5.52±0.71	1.51	0.2296	13.77±2.26	14.17±2.05	12.51±1.57	0.27	0.7639
Miridae	0.00±0.00	0.00±0.00	0.12±0.09	1.9	0.1584	1.03±0.21	0.54±0.11	1.00±0.18	2.37	0.0997
Aphididae	3.04±1.14	2.00±0.84	2.00±0.95	1.24	0.2995	1.83±0.54a	0.97±0.46b	1.66±0.45a	4.27	<b>0.0171</b>
Cecidomyiidae	0.80±0.37b	2.48±0.69a	2.16±0.67a	6.70	<b>0.0024</b>	1.37±0.22	2.57±0.49	1.63±0.32	1.86	0.1624
<b>Parasitoids</b>										
Braconidae	0.60±0.17b	0.36±0.14b	1.44±0.39a	7.00	<b>0.0019</b>	0.43±0.12	0.74±0.18	0.69±0.20	0.73	0.4864
Mymaridae	0.20±0.08	0.20±0.10	0.20±0.08	0.01	0.9866	1.54±0.29	1.17±0.27	1.11±0.27	1.26	0.2896
Eulophidae	0.32±0.13b	0.24±0.10b	0.92±0.22a	5.81	<b>0.005</b>	0.40±0.15a	0.23±0.10b	0.66±0.16a	3.84	<b>0.0255</b>

Taxon	2011					2012				
	T1C-19	T2A-1	MH63	$F_{2,60}$	$P$	T1C-19	T2A-1	MH63	$F_{2,84}$	$P$
Diapriidae	0.48±0.20ab	0.76±0.38a	0.20±0.16b	3.52	<b>0.036</b>	0.26±0.09	0.40±0.11	0.20±0.08	1.26	0.2890
<b>Predators</b>										
Empididae	0.72±0.30b	1.20±0.21a	0.64±0.15b	4.95	<b>0.0102</b>	3.06±0.52	4.89±1.12	3.83±0.55	1.40	0.2527
Veliidae	0.48±0.22a	0.00±0.00b	0.08±0.06a	4.24	<b>0.0189</b>	0.11±0.05	0.29±0.11	0.14±0.09	1.26	0.2898
<i>Cyrtorhinus livipennis</i>	20.80±4.52b	24.52±3.53a	27.72±5.28a	3.69	<b>0.0307</b>	11.49±2.13	10.34±1.74	15.54±2.57	1.78	0.1744
Anthocoridae	0.00±0.00	0.08±0.06	0.12±0.0	1.1	0.3398	1.34±0.35	0.63±0.14	1.00±0.25	1.32	0.2714
Micryphantidae	0.24±0.17b	0.12±0.07b	0.80±0.27a	6.2	<b>0.0036</b>	0.46±0.20	0.23±0.12	0.23±0.07	0.64	0.5275
Theridiidae	5.32±1.25a	2.68±0.81b	5.64±1.37a	5.25	<b>0.0079</b>	4.29±0.86	3.63±0.59	3.66±0.71	0.14	0.8684
Tetragnathidae	2.72±0.58	2.24±0.52	2.44±0.56	0.24	0.7855	4.51±0.60	3.03±0.41	3.71±0.62	2.19	0.1185
<b>Detritivores</b>										
Entomobryidae	0.04±0.04	0.08±0.08	0.08±0.06	0.15	0.8608	19.14±4.76	12.83±2.61	14.71±3.23	0.68	0.5081
Isotomidae	0.68±0.31b	4.60±2.29a	0.88±0.49b	4.36	<b>0.017</b>	70.69±15.39a	56.49± 21.72b	81.34±27.46a	7.61	<b>0.0009</b>
Sminthuridae	0.64±0.34	0.08±0.08	0.68±0.28	3.08	0.0535	40.00±7.80a	12.29±2.70b	17.23±4.20b	22.2	<b>&lt;0.0001</b>
Ceratopogonidae	2.96±0.47	3.80±0.54	2.76±0.48	1.78	0.1771	3.49±0.63b	4.43±0.54a	3.49±0.57ab	3.95	<b>0.0229</b>
Psychodidae	1.08±0.27b	3.08±0.47a	1.76±0.49b	8.78	<b>0.0005</b>	1.31±0.31	1.60±0.32	1.63±0.32	0.71	0.4954
Phoridae	0.16±0.07b	0.36±0.11ab	1.20±0.42a	5.21	<b>0.0082</b>	0.57±0.16	1.03±0.37	0.57±0.21	0.37	0.6946
<b>Others</b>										
Culicidae	1.92±0.57	1.12±0.26	1.44±0.36	0.37	0.6931	0.29±0.13	0.60±0.17	0.46±0.11	2.22	0.1147
Drosophilidae	0.12±0.07	0.48±0.19	0.40±0.18	1.91	0.1571	0.37±0.16	0.34±0.19	0.60±0.23	0.98	0.3792

Means ±SE (No. of 0.25 m<sup>2</sup>) based on the 5, and 7 sample dates in 2011 and 2012 at Jinhua, respectively, with three replicate plots each year. Values within row at the same year followed by the same letter are not significantly different based on repeated-measures ANOVA using Proc mixed followed by Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ .  $P$  values in bold indicate that values have significant differences among rice types.

### 3 讨论

多年多点多转基因抗虫水稻品系的研究结果表明, *Br* 水稻稻田生境中, 节肢动物各功能团类群的组成及优势类群与对照基本相同: 植食性昆虫优势类群为飞虱和叶蝉; 寄生性昆虫根据地点、年代和水稻品系的不同主要是茧蜂科或金小蜂科、姬蜂科、跳小蜂科、锤角细蜂科、缨小蜂科中的两类; 捕食性天敌包括捕食性昆虫长足虻、舞虻、黑肩绿盲蝽或尖钩宽尾蝽, 以及蜘蛛类的肖蛸科、微蛛科、球腹蛛科或狼蛛科; 腐食性昆虫为长角跳虫科、等节跳虫科和圆跳虫科。 *Br* 稻田中寄生性昆虫的优势度和密度多低于对照, 特别是茧蜂科的密度显著低于对照。大多数情况下, 功能团的优势度和密度及其时间动态、常用群落参数(物

种丰富度、Shannon-Wiener 多样性指数、均匀度指数和 Simpson 优势集中性指数)及其时间动态在 *Bt* 水稻和对照之间是相似的,极少数情况存在差异。

群落的多样性是群落可测定性特征之一,是研究群落结构水平的指标,多样性取决于群落中的种类数和均匀性,也就是说,多样性不仅反映了群落中物种的丰富度、变异程度,而且在不同程度上也反映不同的自然地理条件与群落的发展关系,一般认为昆虫多样性与植物多样性相关,环境的稳定性影响昆虫群落的多样性。经常采用物种丰富度、Shannon-wiener 多样性指数、均匀度指数和 Simpson 优势集中性指数等指数来衡量群落的多样性,其中 Simpson 多样性指数对稀有种起作用较小,面对普遍种的作用较大,均匀性指数对稀有种比较敏感。本章分析的结果表明多数情况下,节肢动物群落参数在 *Bt* 水稻和对照之间大多数情况下没有显著差异,只在少数情况下存在差异,同时它们的时间动态也具有相似的趋势。

PRC 分析结果表明个别年代 KMD 和对照之间的整个节肢动物群落存在显著差异,5 年的分析结果说明 *Bt* 水稻和对照之间并不存在显著差异,其中水稻品种能够解释的差异为 7.5%,而取样时间却能够解释 75.7%,可见节肢动物群落的不同大部分是由取样时间引起,品种之间的差别只占很少的部分,物种权重分析的结果表明物种的权重并没有一致性的减少或上升,可见物种种群密度的变化并不存在一致性,进一步对优势类群的年度变化进行分析可以得出,植食者中的飞虱科、叶蝉科、秆蝇科、螟蛾科、瘿蚊科、实蝇科;寄生类中的头蝇科、茧蜂科、姬小蜂科;捕食类中的宽尾蜂科、黑肩绿盲蝽、花蝽科、肖蛸科;腐食类的等节跳虫科和蚤蝇科;其他类的摇蚊和蚊科等科的密度在水稻品种之间存在差异。

PRC 分析结果表明转 *cry1Ab/vip3H* 基因的水稻 G6H1 和对照之间的整个节肢动物群落 5 年之中的 3 年存在差异,水稻品种对差异的解释在 1.0%到 13.1%,取样时间在 32.1%到 67.6%之间,可见节肢动物群落的差别大部分是由取样时间引起,品种之间的差别只占很少的部分,对物种权重比较高的类群密度分析发现,秆蝇科在长兴 II 的 2012 年,蚤蝇科长兴 I 的 2010 年,金小蜂长兴 II 的 2012 年,舞虻科长兴 I 和长兴 II 的 2011 年,狼蛛科的长兴 II 的 2011 年,肖蛸科的长兴 I 的 2010 年,跳蛛科的长兴 II 2011 年在 *Bt* 水稻和对照之间有差异。

PRC 分析结果表明转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因水稻 T1C-19 和 T2A-1 除长兴 II2012 年之外,大部分和对照之间不存在差异,水稻品种对差异的解释在 0.9%到 31.3%,取样时间在 39.9%到 83.9%之间,可见节肢动物群落的差别大部分是由取样时间引起,品种之间的差别只占很少的部分,物种权重和密度分析结果也表明,除个别物种之间的密度存在差异之外,大部分没有差异。

*Bt* 水稻和对照之间极个别类群的种群密度存在差异,可能与下面四类原因有关:第一,由于 *Bt* 水稻对鳞翅目具有很高的致死性或亚致死效应,那么鳞翅目幼虫的专性寄生蜂也会随之受到影响,同时以鳞翅目害虫为猎物的捕食者数量也可能下降,田间观察到二化螟和大螟的为害状枯心或白穗以及稻纵卷叶螟造成的卷叶症状, *Bt* 水稻远远低于对照田块,数据分析结果显示,寄生性昆虫的优势度和密度大部分情况下以对照田为高,特别是对对照田中寄生鳞翅目幼虫的茧蜂科的密度显著高于 *Bt* 水稻。姜永厚等研究结果也表明当二化螟绒茧蜂寄生对 *Cry1Ab* 或 *Cry1Ab/CpTI* 蛋白敏感的二化螟幼虫时,它的寄生率、结茧率、蜂蛹历期、雄蜂寿命以及茧的长度都同对照有显著差异(姜永厚等, 2004, 姜永厚等, 2005), 田俊策等的结果表明寄生蜂各科的组成与优势度的分布在转 *cry1Ab* 稻田和对照之间无显著差异,但是数量低于对照,特别是优势类群-茧蜂科的数量显著低于对照(田俊策等, 2008),可见, *Bt* 水稻对靶标害虫主要寄生蜂尤其是茧蜂可能具有一定的负面影响。同时,我们的调查方法是主要采用的是真空式吸虫器,该方法主要适合捕捉活动性比较强的节肢动物,田间发现 *Bt* 水稻田和对照田之间稻纵卷叶螟成虫存在较强的扩散性,吸虫器在田间捕捉到的主要是螟蛾科的成虫,采集到的幼虫数量很少,因此今后的调查中,在进行吸虫器取样时,应该同时采用剥查法调查幼虫的密度,以反映田间靶标害虫幼虫的种群密度变化。第二, *Bt* 水稻对猎物质量和数量的影响间接的影响到以它们为寄主或者猎物的寄生蜂或捕食者的数量, *Bt* 蛋白对飞虱和叶蝉没有直接的毒性,因此以它们为寄主或者猎物的天敌数量会随着它们密度的变化有所响应,本文结果中可以看出,飞虱和叶蝉的优势寄生蜂的密度并没有受到水稻品种的影响。Gao 等的试验结果也证明褐飞虱的卵期优势寄生蜂-稻虱缨小蜂的生物学特性并没有受到转基因抗虫水稻 *KMD1* 和 *KMD2* 的影响(Gao et al. 2010)。同时,在生态系统中,猎物和捕食者的数量是最密切的,研究中发现稻田中最主要的捕食者是蜘蛛、黑肩绿盲蝽、尖钩宽尾蝽、长足虻和舞虻,在水稻种植的早期,摇蚊科、蚊科以及腐食类中的双翅目昆虫成虫是稻田中的主要猎物,随着后期飞虱和叶蝉数量增加,它们成为主要的猎物,稻田生态系统中猎物种群不断演替也在一定程度上影响到捕食者数量的变化, *Bt* 水稻和对照田之间猎物数量和种群组成的不一致性会影响到捕食者的组成和数量的变化,蜘蛛捕食的猎物种类多、数量大,因此成为田间捕食类群的主力军,黑肩绿盲蝽主要是以飞虱或叶蝉的卵及低龄若虫为食物,所以黑肩绿盲蝽的种群一般是跟随飞虱或叶蝉数量而动。另外, *Bt* 蛋白可以通过食物链的传递对自然天敌产生影响,上面所说的鳞翅目害虫的减少导致寄生天敌的数量减少就是一例,那么对于捕食者来说,猎物的个体小、发育迟缓和营养成分的变化对捕食者可能会产生不利的影响,总体来说,猎物质量和数量的变化会对捕食者的数量有所影响,特别是

那些寡食性的捕食者, 本文研究结果中表明捕食类功能团的密度基本上没有水稻类型的影响; 第三, 水稻所分泌的 *Bt* 蛋白可能长期残留在土壤中, 那么土壤昆虫如摇蚊和蚊科的幼虫以及跳虫类, 也会受到影响, 另外取样方法的不同也可能对腐食类昆虫的种群密度有所影响, 本文主要采用吸虫器法进行取样, 发现腐食类昆虫和其他类昆虫的功能团密度在 *Bt* 水稻和对照田的变化是比较大, 有些情况下所占的比例很高, 有些很低, 那么今后应该采用多种取样方法进行监测, 以便得出合适的结论; 第四, *Bt* 基因插入到水稻基因组之后可能导致一些非预期的变化, 水稻植株的生物性状和生理生化等也会发生一些变化, 可能会影响到昆虫的行为和取食, 进而对昆虫的种群和发生也有所影响, 如 Chen 等 2012 年通过室内 4 个世代的研究表明 KMD2 对褐飞虱的产卵量有显著的抑制作用, 并且随着世代的增加进一步加剧, 田间种群密度的调查说明, KMD2 上褐飞虱若虫的密度显著低于其对照 Xiushui11(Chen et al. 2012), 但是周霞等的研究表明取食转 *cry1Ab* 基因的黑尾叶蝉的雌成虫寿命、产卵量、产卵期显著的高于或者长于对照亲本 KCK, 而且 KMD2 田块中黑尾叶蝉的种群数量比对照高 0.5-1.0 倍以上(周霞等. 2005), Faria 等发现 *Bt* 玉米对玉米蚜 (*Rhopalosiphum maidis*) 种群密度有强烈的促进作用, 可能同 *Bt* 玉米体内氨基酸含量比对照高有关, 而且蚜虫排出的蜜露量也显著的增加(Faria et al. 2007), Hagenbucher 等通过温室内的试验表明, *Bt* 棉花上靶标害虫为害减弱, 导致棉花体内次生物质萜类的减少有利于棉蚜的发生和为害, 但是在田间条件下, 这种现象还不是很明显(Hagenbucher et al. 2013)。

本章从节肢动物群落功能团的组成、优势度和密度及其时间动态、群落参数、PRC 分析和物种权重分析等几个指标, 比较 *Bt* 水稻能否对节肢动物群落产生负面影响, 大多数的情况下, 这些指标及其时间动态是相似的, 少数的情况下存在差异。对高物种权重的类群分析发现, 大部分类群的种群密度并不存在差异, 有些类群的密度存在差异是可以想象的, 其他有些类群种群数量存在差异可能是 *Bt* 水稻引起的非预期效益或植食者的质量和数量所导致的。另外, 试验的面积、取样的方法以及试验田周边的环境都会对试验结果产生一定的影响。

总之, *Bt* 水稻对稻田节肢动物群落没有显著负面的影响。然而 *Bt* 水稻对稻田节肢动物群落的影响是多方面的, 节肢动物群落又是一个相互共存的复杂体系, 因此, *Bt* 水稻对节肢动物群落的影响应该通过长期的多点的试验来继续监测。

表 3.1 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻(KMD1 和 KMD2)与对照田 (KCK) 节肢动物功能团组成及数量

Table 3.1 Composition of guilds and individual number of arthropod identified in the surveys between *Bt* rice (KMD1 and KMD2) and their control (KCK) at Hangzhou during 2008-2012

功能团 Guild	学名 Family	2008			2009			2010			2011			2012		
		KMD1	KMD2	KCK												
<b>植食类昆虫</b>	<b>Herbivores</b>	(76.02)	(75.46)	(73.56)	(73.82)	(67.67)	(73.53)	(39.71)	(56.69)	(48.15)	(47.20)	(50.93)	(53.09)	(31.03)	(39.93)	(36.35)
飞虱科	Delphacidae	1252	1388	2079	1183	1095	1703	2112	2330	2188	4762	3646	6575	546	445	457
叶蝉科	Cicadellidae	5362	4022	4815	6402	3971	5666	214	191	206	592	283	430	1832	1301	1252
秆蝇科	Chloropidae	46	83	121	157	155	152	38	55	60	82	45	102	57	45	54
水蝇科	Ephydriidae	162	195	270	1432	1228	691	42	62	55	143	105	107	48	78	97
夜蛾科	Noctuidae	0	2	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	1	0	1
螟蛾科	Pyralididae	3	4	3	41	13	46	65	43	62	53	27	47	42	60	54
螽螂科	Tettigoniidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
锥头蝗科	Pyrgomorphidae	0	0	0	0	0	0	1	0	1	2	2	9	2	2	0
斑腿蝗科	Catantopidae	0	0	0	0	0	4	3	0	0	7	0	5	2	4	4
斑翅蝗科	Oedipodidae	0	0	0	0	0	0	2	0	2	0	0	1	0	0	0
象甲科	Curculionidae	0	0	0	1	1	0	3	0	1	1	0	1	3	2	3
大蚊科	Tipulidae	0	0	0	0	0	0	10	5	2	5	1	6	2	3	12
盲蝽科	Miridae	0	3	0	1	5	2	7	1	1	46	35	39	8	4	4
瓢甲科	Coccinellidae	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	4	0	0	0
蓟马科	Thripidae	0	6	0	0	0	0	5	1	2	3	2	2	5	7	5
管蓟马科	Phlaothripidae	0	0	1	0	2	1	15	7	7	8	6	8	3	9	5

万方数据

功能团 Guild	学名 Family	2008			2009			2010			2011			2012		
		KMD1	KMD2	KCK												
蚜科	Aphididae	603	473	438	359	397	199	12	10	13	119	104	314	0	0	0
花蝇科	Anthomyiidae	0	0	1	1	3	3	0	0	2	6	2	1	1	0	1
瘿蚊科	Cecidomyiidae	10	4	15	8	4	7	68	51	31	32	23	22	15	6	9
蝽科	Pentatomidae	0	1	5	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
金龟子	Scarabaeidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
实蝇科	Tephritidae	0	0	0	1	0	0	8	3	0	2	1	2	0	0	0
水虻科	Stratiomyidae	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1
眼蕈蚊科	Sciaridae	11	8	8	4	2	0	1	1	1	3	5	6	2	0	1
跳蝻科	Saldidae	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0
缘蝻科	Coreidae	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	2	2	1
叶甲科	Chrysomelidae	2	0	1	2	1	0	2	0	0	5	1	3	1	0	0
潜蝇科	Agromyzidae	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
蝼蛄	Gryllotalpidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	1	0	0
网蝽科	Tingidae	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
叶蜂科	Tenthredinidae	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
寄生类昆虫	Parasitoids	(0.31)	(0.57)	(0.46)	(0.51)	(0.69)	(0.83)	(1.41)	(1.95)	(2.08)	(1.47)	(1.64)	(1.38)	(0.99)	(1.86)	(1.76)
寄蝇科	Tachinidae	0	0	0	1	0	0	4	2	2	2	3	3	0	1	0
头蝇科	Pipunculidae	4	2	4	6	1	1	1	0	2	6	1	2	3	6	2
分盾细蜂科	Ceraphronidae	1	1	1	3	1	0	0	0	1	1	2	0	2	4	2
螯蜂科	Dryinidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	1	0	0

功能团 Guild	学名 Family	2008			2009			2010			2011			2012		
		KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK
肿腿蜂科	Bethylidae	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0
环腹瘦蜂科	Figitidae	1	0	0	1	0	0	2	2	4	3	3	6	0	0	0
姬蜂科	Ichneumonidae	2	4	6	4	7	7	0	1	1	15	14	19	17	25	31
茧蜂科	Braconidae	2	8	16	12	12	31	11	13	20	27	21	15	11	20	11
赤眼蜂科	Trichogrammatidae	4	8	5	7	6	6	12	7	13	9	8	10	3	5	5
缨小蜂科	Mymaridae	5	6	0	2	11	2	10	8	11	46	20	64	5	1	5
姬小蜂科	Eulophidae	0	0	5	5	8	7	9	5	11	18	8	28	13	6	10
金小蜂科	Pteromalidae	0	7	1	17	14	28	9	7	6	34	20	19	8	4	11
跳小蜂科	Encyrtidae	6	8	7	1	5	2	6	5	3	12	31	23	3	1	3
广肩小蜂科	Eurytomidae	0	0	1	1	0	2	0	1	3	0	2	2	1	1	2
小蜂科	Chalcididae	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
锤角细蜂科	Diapriidae	3	1	2	6	5	6	24	42	36	2	4	3	7	10	8
缘腹细蜂科	Scelionidae	2	2	0	0	0	2	5	2	0	6	1	4	7	8	5
捕食性天敌	Predators	(14.54)	(15.81)	(14.32)	(14.48)	(15.61)	(14.14)	(16.00)	(17.33)	(15.34)	(7.59)	(7.15)	(6.32)	(6.48)	(10.51)	(11.51)
蜻科	Libellulidae	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
虻科	Coenagrionidae	0	0	0	1	0	0	2	0	0	0	3	1	0	5	9
长足虻科	Dolichopodidae	5	8	11	6	2	9	1	2	1	24	23	14	6	2	5
舞虻科	Empididae	21	20	42	96	61	85	31	23	24	108	34	44	32	38	36
宽尾蜻科	Veliidae	235	156	196	473	521	293	11	16	4	52	13	29	32	3	1
黑肩绿盲蝽	<i>Cyrtorhinus</i>	556	513	833	897	686	765	765	576	595	274	253	394	157	163	164

功能团 Guild	学名 Family	2008			2009			2010			2011			2012		
		KMD1	KMD2	KCK												
	<i>livilipennis</i>															
瓢虫科	Coccinellidae	1	3	2	3	7	5	5	1	1	30	33	35	6	1	4
花蝽科	Anthoridae	5	1	3	13	7	6	17	13	14	75	29	70	18	14	26
食蚜蝇科	Syrphinae	1	0	0	5	3	8	0	0	0	1	2	1	0	0	0
步甲科	Carabidae	0	1	0	1	0	0	0	0	0	2	0	1	3	1	6
水蝽科	Mesoveliidae	0	1	0	25	5	4	3	2	1	0	0	0	8	29	24
草蛉科	Chrysopidae	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
隐翅甲科	Staphilinidae	3	7	5	4	7	5	0	0	4	17	7	14	21	8	23
沼蝇科	Sciomyzidae	1	0	0	4	2	4	0	2	0	43	41	49	6	3	8
食虫虻科	Aslidae	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
蚁科	Formicidae	0	0	0	0	2	2	4	1	4	3	0	0	0	0	0
负子蝽科	Belostomatidae	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
姬蝽科	Nabidae	0	0	0	2	2	7	0	0	1	2	0	0	3	11	11
猎蝽科	Reduviidae	0	2	0	9	6	7	0	0	0	1	0	0	0	0	0
龙虱科	Dytiscidae	3	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	25	15
胡蜂科	Vespidae	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	2	1	1	0
长蝽科	Lygaeidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
微蛛科	Micryphantidae	60	55	41	11	14	42	16	5	18	3	5	5	49	45	83
球腹蛛科	Theridiidae	327	380	279	197	150	250	59	62	51	30	12	33	48	30	35
狼蛛科	Lycosidae	65	54	45	13	10	13	15	4	4	23	22	27	54	65	69

功能团 Guild	学名 Family	2008			2009			2010			2011			2012		
		KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK
肖蛸科	Tetragnathidae	138	93	48	99	95	101	118	131	113	251	119	188	60	60	84
跳蛛科	Salticidae	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0	3	2	1	3	2
蟹蛛科	Thomisidae	1	2	1	3	1	1	0	3	1	4	2	3	9	1	6
圆蛛科	Araneidae	2	0	1	19	8	20	2	3	3	1	1	1	10	6	7
盗蛛科	Pisauridae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	4	0
管巢蛛科	Clubionidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	3
幽灵蛛科	Pholcidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
腐食类昆虫	Detritivores	(5.76)	(5.16)	(7.55)	(8.29)	(11.37)	(7.96)	(39.97)	(20.21)	(30.82)	(34.89)	(34.79)	(33.92)	(50.39)	(39.95)	(46.10)
长角跳科	Entomobryidae	3	138	11	30	45	18	268	82	164	196	44	78	206	121	142
等节跳虫科	Isotomidae	82	67	74	896	1008	780	1718	386	1134	2617	1236	2251	35	16	20
圆跳虫科	Sminthuridae	345	114	506	52	5	22	401	180	151	1428	1579	2466	3854	1795	2272
球角跳虫科	Hypogastruridae	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
蠓科	Ceratopogonidae	104	87	147	38	55	19	171	205	139	76	52	69	68	27	39
蛾蠓科	Psychodidae	9	11	15	20	17	20	40	111	61	15	16	37	9	10	3
蚤蝇科	Phoridae	20	6	41	36	19	49	11	5	22	8	3	6	5	2	8
粪蚊科	Scatopsidae	0	0	0	1	2	3	16	14	15	0	0	1	4	1	3
菌蚊科	Mycetophilidae	0	0	2	3	2	3	1	1	2	2	0	1	0	0	0
粪蝇科	Scathophagidae	0	0	0	1	4	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0
水龟甲科	Hydrophilidae	2	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
其他类	Others	(3.38)	(3.00)	(4.11)	(2.90)	(4.67)	(3.53)	(2.91)	(3.82)	(3.62)	(8.84)	(5.50)	(5.29)	(11.11)	(7.74)	(4.28)

功能团 Guild	学名 Family	2008			2009			2010			2011			2012		
		KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK
摇蚊科	Chironomidae	297	228	413	318	464	371	152	153	151	1067	452	744	886	372	199
蚊科	Culicidae	34	18	17	15	4	10	36	25	41	4	0	2	36	10	31
叶蝇科	Milichiidae	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
果蝇科	Drosophilidae	0	0	3	40	5	25	3	7	6	24	9	17	0	0	0
虻科	Tabanidae	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
蝇科	Muscidae	0	0	0	3	0	1	0	0	0	6	2	2	0	0	0
丽蝇科	Calliphoridae	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
蜜蜂科	Apidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
总体个数	Total	9802	8203	10545	12997	10178	11524	6573	4869	5477	12448	8425	14474	8298	4936	5395

括号的数值是每个功能团所占的比例(%),下面表 3.2-表 3.5 与此相同。 The values in the parenthesis are the percent of each guild(%), the same phenomenon was followed in Table 3.2-3.5.

表 3.2 长兴 I 试验点 2010-2011 年转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻(G6H1)与对照田  
节肢动物功能团组成及数量

Table 3.2 Composition of guilds and individual number of arthropod identified in the surveys  
between *Bt* rice (G6H1) and their control (XS110) at Changxing I in 2010 and 2011

功能团 Guilds	学名 Family	2010		2011	
		XS110	G6H1	XS110	G6H1
植食类昆虫	Herbivores	(70.06)	(68.60)	(62.31)	(57.19)
飞虱科	Delphacidae	1880	1306	3124	2715
叶蝉科	Cicadellidae	388	261	1313	2141
秆蝇科	Chloropidae	71	76	90	81
水蝇科	Ephydriidae	78	65	762	700
夜蛾科	Noctuidae	0	0	2	0
螟蛾科	Pyralidae	29	23	9	7
锥头蝗科	Pyrgomorphidae	0	0	1	0
斑腿蝗科	Catantopidae	1	0	6	3
象甲科	Curculionidae	0	0	3	1
大蚊科	Tipulidae	0	0	6	0
盲蝽科	Miridae	1	1	25	26
蓟马科	Thripidae	4	0	3	2
管蓟马科	Phlaeothripidae	2	1	11	20
蚜科	Aphididae	36	36	84	189
花蝇科	Anthomyiidae	1	2	3	4
瘿蚊科	Cecidomyiidae	15	29	31	31
蝽科	Pentatomidae	1	0	0	0
实蝇科	Tephritidae	0	0	3	2
眼蕈蚊科	Sciaridae	0	0	14	5
缘蝽科	Coreidae	0	0	1	0
叶甲科	Chrysomelidae	0	0	0	1
跳蝽科	Saldidae	0	0	0	4
露尾甲科	Nitidulidae	1	0	1	0
寄生类昆虫	Parasitoids	(2.26)	(1.64)	(1.91)	(1.77)
寄蝇科	Tachinidae	0	1	0	1
头蝇科	Pipunculidae	4	2	9	12
分盾细蜂科	Ceraphronidae	0	0	2	1
螫蜂科	Dryinidae	0	0	1	1
肿腿蜂科	Bethylidae	0	0	2	0
环腹瘦蜂科	Figitidae	2	0	6	8
姬蜂科	Ichneumonidae	0	0	0	2

功能团 Guilds	学名 Family	2010		2011	
		XS110	G6H1	XS110	G6H1
茧蜂科	Braconidae	32	5	25	11
赤眼蜂科	Trichogrammatidae	13	11	28	41
缨小蜂科	Mymaridae	5	4	28	24
姬小蜂科	Eulophidae	6	6	11	25
金小蜂科	Pteromalidae	12	4	26	19
跳小蜂科	Encyrtidae	2	4	14	22
广肩小蜂科	Eurytomidae	1	0	1	0
锤角细蜂科	Diapriidae	3	3	14	15
缘腹细蜂科	Scelionidae	1	3	1	2
捕食性天敌	Predators	(10.36)	(12.88)	(5.70)	(4.99)
长足虻科	Dolichopodidae	0	3	37	13
舞虻科	Empididae	18	10	56	32
宽尾螳科	Veliidae	5	2	9	11
黑肩绿盲蝽	<i>Cyrtorhinus livipennis</i>	206	200	187	228
瓢虫科	Coccinellidae	1	1	19	27
花螳科	Anthocoridae	8	6	44	23
食蚜蝇科	Syrphinae	2	1	1	1
步甲科	Carabidae	0	0	3	0
草蛉科	Chrysopidae	0	0	1	3
隐翅甲科	Staphilinidae	3	1	14	27
沼蝇科	Sciomyzidae	4	5	3	0
姬螳科	Nabidae	0	2	1	1
猎螳科	Reduviidae	0	1	4	0
微蛛科	Micryphantidae	2	2	3	4
球腹蛛科	Theridiidae	99	54	48	62
狼蛛科	Lycosidae	2	1	1	7
肖蛸科	Tetragnathidae	21	48	62	76
跳蛛科	Salticidae	0	0	1	0
蟹蛛科	Thomisidae	0	0	5	2
圆蛛科	Araneidae	0	0	2	1
管巢蛛科	Clubionidae	0	1	1	0
腐食性昆虫	Detritivores	(12.07)	(13.22)	(27.52)	(33.77)
长角跳科	Entomobryidae	1	3	206	119
等节跳虫科	Isotomidae	185	66	1351	2746
圆跳虫科	Sminthuridae	147	199	662	463

功能团 Guilds	学名 Family	2010		2011	
		XS110	G6H1	XS110	G6H1
蠓科	Ceratopogonidae	33	31	153	133
蛾蠓科	Psychodidae	45	37	33	24
蚤蝇科	Phoridae	17	9	9	11
粪蚊科	Scatopsidae	4	2	7	4
菌蚊科	Mycetophilidae	0	0	4	1
粪蝇科	Scathophagidae	0	0	1	1
水龟甲科	Hydrophilidae	0	0	0	1
其他类	others	(5.25)	(3.66)	(2.56)	(2.27)
摇蚊科	Chironomidae	163	75	222	230
蚊科	Culicidae	23	20	0	3
果蝇科	Drosophilidae	0	1	3	1
蝇科	Muscidae	0	0	1	1
蜜蜂科	Apidae	1	0	0	0
蛾蜡蝉科	Flatidae	1	0	0	0
总体个数	Total	3580	2624	8814	10372

表 3.3 长兴 II 试验点 2010-2012 年转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻(G6H1)与对照田  
节肢动物功能团组成及数量

Table 3.3 Composition of guilds and individual number of arthropod identified in the surveys  
between *Bt* rice (G6H1) and their control (XS110) at Changxing II during 2010-2012

功能团 Guilds	学名 Family	2010		2011		2012	
		XS110	G6H1	XS110	G6H1	XS110	G6H1
<b>植食类昆虫</b>	<b>Herbivores</b>	(75.09)	(73.44)	(29.79)	(20.73)	(29.06)	(39.30)
飞虱科	Delphacidae	5053	5613	589	653	935	1871
叶蝉科	Cicadellidae	335	390	1118	777	305	547
秆蝇科	Chloropidae	74	94	69	86	56	94
水蝇科	Ephydriidae	82	65	170	204	119	111
夜蛾科	Noctuidae	0	0	1	0	1	2
螟蛾科	Pyralididae	24	23	18	7	26	27
螽斯科	Tettigoniidae	1	0	0	0	0	0
锥头蝗科	Pyrgomorphidae	2	0	0	0	0	1
斑腿蝗科	Catantopidae	0	1	0	1	0	0
斑翅蝗科	Oedipodidae	0	0	1	0	0	0
象甲科	Curculionidae	0	1	0	0	2	3
大蚊科	Tipulidae	10	15	3	4	2	7
盲蝽科	Miridae	0	0	18	3	0	3
蓟马科	Thripidae	3	8	4	4	2	1
管蓟马科	Phlaeothripidae	0	1	11	0	0	0
蚜科	Aphididae	40	55	51	24	120	91
花蝇科	Anthomyiidae	6	2	7	2	4	1
瘿蚊科	Cecidomyiidae	33	21	34	43	15	13
蝽科	Pentatomidae	1	2	0	4	6	1
实蝇科	Tephritidae	0	0	0	1	0	0
水虻科	Stratiomyidae	1	0	0	0	1	1
眼蕈蚊科	Sciaridae	7	7	4	0	0	4
缘蝽科	Coreidae	0	0	0	0	0	0
叶甲科	Chrysomelidae	1	1	0	1	6	14
跳蝽科	Saldidae	0	0	2	2	1	0
蟋蟀科	Gryllidae	0	0	1	2	0	0
蝼蛄科	Gryllotalpidae	0	0	0	1	0	0
网蝽科	Tingidae	0	0	0	0	0	1
<b>寄生类昆虫</b>	<b>Parasitoids</b>	(1.36)	(1.26)	(2.64)	(0.97)	(3.47)	(1.58)
寄蝇科	Tachinidae	1	2	1	0	1	0
头蝇科	Pipunculidae	0	0	2	2	1	0
分盾细蜂科	Ceraphronidae	1	2	0	1	1	5
螯蜂科	Dryinidae	0	0	2	0	1	1
肿腿蜂科	Bethylidae	1	2	1	0	1	1
环腹瘦蜂科	Figitidae	2	1	5	2	0	0
姬蜂科	Ichneumonidae	3	2	10	2	16	6
茧蜂科	Braconidae	21	12	46	10	46	9

功能团 Guilds	学名 Family	2010		2011		2012	
		XS110	G6H1	XS110	G6H1	XS110	G6H1
赤眼蜂科	Trichogrammatidae	1	2	63	33	6	8
缨小蜂科	Mymaridae	26	40	6	2	13	11
姬小蜂科	Eulophidae	10	12	15	10	15	5
金小蜂科	Pteromalidae	17	9	6	4	51	28
跳小蜂科	Encyrtidae	6	7	6	1	3	12
广肩小蜂科	Eurytomidae	1	0	0	0	7	0
小蜂科	Chalcididae	0	1	1	0	1	0
锤角细蜂科	Diapriidae	8	8	15	12	21	18
缘腹细蜂科	Scelionidae	5	8	7	6	7	8
捕食性天敌	Predators	(11.74)	(8.62)	(8.71)	(9.58)	(23.14)	(20.90)
螽科	Coenagrionidae	0	2	14	10	4	5
长足虻科	Dolichopodidae	18	14	17	20	18	15
舞虻科	Empididae	42	49	46	22	93	72
宽尾螳科	Veliidae	3	22	106	179	117	83
黑肩绿盲蝽	<i>Cyrtorhinus livipennis</i>	429	290	58	14	168	279
瓢虫科	Coccinellidae	2	0	6	0	3	4
花螳科	Anthocoridae	0	3	0	0	0	2
尾螳科	Gerridae	0	0	0	3	0	0
食蚜蝇科	Syrphinae	3	2	2	0	0	1
步甲科	Carabidae	2	5	15	12	2	1
草蛉科	Chrysopidae	0	0	5	2	1	2
隐翅甲科	Staphilinidae	9	8	5	20	9	10
沼蝇科	Sciomyzidae	10	5	4	11	14	14
蚁科	Formicidae	0	0	0	1	0	0
姬螳科	Nabidae	0	4	2	3	9	7
猎螳科	Reduviidae	2	1	0	0	0	0
龙虱科	Dytiscidae	0	0	0	1	0	0
胡蜂科	Vespidae	0	0	0	0	1	0
微蛛科	Micryphantidae	151	87	70	96	337	370
球腹蛛科	Theridiidae	73	60	24	18	82	131
狼蛛科	Lycosidae	22	27	99	205	144	146
肖蛸科	Tetragnathidae	73	99	91	128	182	242
跳蛛科	Salticidae	17	35	23	44	21	28
蟹蛛科	Thomisidae	9	7	10	7	16	16
圆蛛科	Araneidae	15	14	5	19	26	21
盗蛛科	Pisauridae	4	1	8	7	13	24
猫蛛科	Oxyopidae	2	3	0	0	0	0
管巢蛛科	Clubionidae	0	0	2	16	14	12
幽灵蛛科	Pholcidae	1	0	0	1	1	0
巨蟹蛛科	Sparassidae	0	1	0	0	0	0
漏斗蛛科	Agelenidae	0	0	2	2	0	0

功能团 Guilds	学名 Family	2010		2011		2012	
		XS110	G6H1	XS110	G6H1	XS110	G6H1
<b>腐食性昆虫</b>	<b>Detritivores</b>	(3.28)	(9.35)	(5.53)	(22.08)	(7.62)	(5.88)
长角跳科	Entomobryidae	52	508	222	1536	267	302
等节跳虫科	Isotomidae	12	54	0	0	0	0
圆跳虫科	Sminthuridae	1	0	9	182	10	6
蠹科	Ceratopogonidae	152	171	112	181	86	76
蛾蠹科	Psychodidae	18	41	5	6	10	5
蚤蝇科	Phoridae	11	12	33	19	45	29
粪蚊科	Scatopsidae	1	13	4	12	2	0
菌蚊科	Mycetophilidae	1	1	4	1	0	0
水龟甲科	Hydrophilidae	0	2	1	1	0	0
<b>其他类</b>	<b>Others</b>	(8.52)	(7.33)	(53.33)	(46.64)	(36.70)	(32.34)
摇蚊科	Chironomidae	475	523	3732	4068	1903	2150
蚊科	Culicidae	156	96	25	16	113	141
果蝇科	others	9	9	4	8	5	7
虻科	Tabanidae	0	1	0	1	1	0
蝇科	Muscidae	2	0	0	0	0	0
丽蝇科	Calliphoridae	2	0	0	0	0	0
<b>总体个数</b>	<b>Total</b>	<b>7555</b>	<b>8577</b>	<b>7052</b>	<b>8776</b>	<b>5509</b>	<b>7106</b>

表 3.4 金华试验点 2011-2012 年转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻 (T1C-19 和 T2A-1) 与对照田 (MH63) 节肢动物功能团组成及数量

Table 3.4 Composition of guilds and individual number of arthropod identified in the surveys between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and their control plots (MH63) at Jinhua in 2011 and 2012

功能团 Guilds	学名 Family	2011			2012		
		T1C-19	T2A-1	MH63	T1C-19	T2A-1	MH63
植食类昆虫	<b>Herbivores</b>	(74.90)	(75.57)	(74.57)	(53.69)	(59.34)	(59.49)
飞虱科	Delphacidae	3515	3963	4158	5527	4827	6905
叶蝉科	Cicadellidae	162	159	153	820	795	772
秆蝇科	Chloropidae	125	146	122	209	395	326
水蝇科	Ephydriidae	114	101	138	482	496	438
夜蛾科	Noctuidae	1	1	1	1	0	2
螟蛾科	Pyralidae	89	81	101	41	40	46
弄蝶科	Hesperiidae	0	0	1	0	0	0
螽螂科	Tettigoniidae	0	0	0	1	0	1
锥头蝗科	Pyrgomorphidae	0	0	0	0	0	4
斑腿蝗科	Catantopidae	0	0	0	23	19	13
斑翅蝗科	Oedipodidae	0	1	0	1	0	6
象甲科	Curculionidae	0	0	0	11	8	9
大蚊科	Tipulidae	1	1	0	16	31	25
盲蝽科	Miridae	0	0	3	36	19	35
瓢甲科	Coccinellidae	0	0	0	0	1	1
蓟马科	Thripidae	0	0	1	6	2	4
管蓟马科	Phlaeothripidae	0	2	1	6	7	7
蚜科	Aphididae	76	50	50	64	34	58
花蝇科	Anthomyiidae	1	1	1	7	1	2
瘿蚊科	Cecidomyiidae	20	62	54	48	90	57
蝽科	Pentatomidae	0	0	0	0	0	2
实蝇科	Tephritidae	0	1	0	1	0	3
水虻科	Stratiomyidae	0	1	0	0	1	0
跳甲科	Halticidae	0	0	0	0	0	0
眼蕈蚊科	Sciaridae	0	1	1	13	8	4
叶甲科	Chrysomelidae	0	0	0	0	0	1
潜蝇科	Agromyzidae	0	0	0	0	1	1
露尾甲科	Nitidulidae	0	0	0	1	0	0
寄生类昆虫	<b>Parasitoids</b>	(1.19)	(0.86)	(1.61)	(1.29)	(1.46)	(1.28)
寄蝇科	Tachinidae	2	0	2	0	0	8
头蝇科	Pipunculidae	0	0	0	18	7	7
分盾细蜂科	Ceraphronidae	0	0	0	1	0	2
螯蜂科	Dryinidae	1	2	3	1	3	1
环腹瘿蜂科	Figitidae	1	2	3	2	2	2
姬蜂科	Ichneumonidae	0	0	0	1	2	3

功能团 Guilds	学名 Family	2011			2012		
		T1C-19	T2A-1	MH63	T1C-19	T2A-1	MH63
茧蜂科	Braconidae	15	9	36	15	26	24
赤眼蜂科	Trichogrammatidae	12	7	9	20	18	12
缨小蜂科	Mymaridae	5	5	5	54	41	39
姬小蜂科	Eulophidae	8	6	23	14	8	23
金小蜂科	Pteromalidae	6	2	16	19	20	43
跳小蜂科	Encyrtidae	1	0	0	18	18	15
小蜂科	Eurytomidae	0	0	1	0	0	0
广肩小蜂科	Chalacididae	0	0	0	0	1	0
锤角细蜂科	Diapriidae	12	19	5	9	14	7
缘腹细蜂科	Scelionidae	2	0	0	4	7	2
捕食性天敌	<b>Predators</b>	(14.31)	(12.99)	(14.76)	(7.17)	(7.91)	(7.43)
螽科	Coenagrionidae	0	0	0	0	0	1
长足虻科	Dolichopodidae	3	0	0	34	29	32
舞虻科	Empididae	18	30	16	107	171	134
宽尾螳科	Veliidae	12	0	2	4	10	5
黑肩绿盲蝽	<i>Cyrtorhinus livipennis</i>	520	613	693	402	362	544
瓢虫科	Coccinellidae	1	3	1	11	7	3
花蝽科	Anthocoridae	0	2	3	47	22	35
食蚜蝇科	Syrphinae	1	0	0	2	1	1
步甲科	Carabidae	0	0	0	0	1	0
水蝽科	Mesoveliidae	5	1	0	0	0	0
草蛉科	Chrysopidae	0	0	0	7	10	25
隐翅甲科	Staphilinidae	2	2	1	20	22	22
沼蝇科	Sciomyzidae	8	3	4	3	9	5
蚁科	Formicidae	0	1	1	0	0	0
姬蝽科	Nabidae	0	1	1	2	2	3
猎蝽科	Reduviidae	0	1	0	1	0	0
龙虱科	Dytiscidae	0	0	0	0	0	1
长蝽科	Lygaeidae	0	0	0	0	2	0
胡蜂科	Vespidae	0	0	0	1	0	0
微蛛科	Micryphantidae	6	3	20	16	8	8
球腹蛛科	Theridiidae	133	67	141	150	127	128
狼蛛科	Lycosidae	6	3	1	5	8	6
肖蛸科	Tetragnathidae	68	56	61	158	106	130
跳蛛科	Salticidae	0	0	1	0	1	2
蟹蛛科	Thomisidae	0	0	0	2	5	2
圆蛛科	Araneidae	1	0	1	4	0	1
管巢蛛科	Clubionidae	0	0	0	1	0	1
腐食类昆虫	Detritivores	(2.56)	(5.08)	(2.98)	(34.88)	(27.39)	(28.74)
长角跳科	Entomobryidae	1	2	2	670	449	515
等节跳虫科	Isotomidae	17	115	22	2474	1977	2847

功能团 Guilds	学名 Family	2011			2012		
		T1C-19	T2A-1	MH63	T1C-19	T2A-1	MH63
圆跳虫科	Sminthuridae	16	2	17	1400	430	603
蠓科	Ceratopogonidae	74	95	69	122	155	122
蛾蠓科	Psychodidae	27	77	44	46	56	57
蚤蝇科	Phoridae	4	9	30	20	36	20
粪蚊科	Scatopsidae	1	4	6	14	14	25
菌蚊科	Mycetophilidae	0	1	1	6	9	25
粪蝇科	Scathophagidae	0	0	0	0	1	0
水龟甲科	Hydrophilidae	0	2	0	0	0	0
其他类	Others	(7.05)	(5.51)	(6.09)	(2.96)	(3.90)	(3.06)
摇蚊科	Chironomidae	333	293	343	374	408	408
蚊科	Culicidae	48	28	36	10	21	16
果蝇科	Drosophilidae	3	12	10	13	12	21
虻科	Tabanidae	1	0	2	2	1	1
蝇科	Muscidae	0	0	0	4	3	0
蜜蜂科	Apidae	0	0	0	0	0	2
总体个数	Total	5479	6049	6417	13622	11417	14661

表 3.5 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻 (T1C-19 和 T2A-1) 与对照田 (MH63) 节肢动物功能团组成及数量 (2012, 长兴 I 和长兴 II)Table 3.5 Composition of guilds and individual number of arthropod identified in the surveys between *Bt* rice (T1C-19 and T2A-1) and their control (MH63) at Changxing I and Changxing II in 2012

功能团 Guilds	学名 Family	长兴 I			长兴 II		
		T1C-19	T2A-1	MH63	T1C-19	T2A-1	MH63
植食类昆虫	Herbivores	(39.97)	(44.91)	(43.51)	(50.65)	(46.29)	(33.73)
飞虱科	Delphacidae	3187	3750	3773	705	674	890
叶蝉科	Cicadellidae	84	113	106	82	76	79
秆蝇科	Chloropidae	151	198	211	213	152	264
水蝇科	Ephydriidae	91	91	110	17	15	28
夜蛾科	Noctuidae	0	0	3	0	1	0
螟蛾科	Pyralidae	59	65	70	7	8	18
锥头蝗科	Pyrgomorphidae	2	2	5	1	1	2
斑腿蝗科	Catantopidae	6	5	3	0	0	0
象甲科	Curculionidae	2	1	1	1	1	1
大蚊科	Tipulidae	3	2	2	3	1	2
盲蝽科	Miridae	11	38	36	5	3	5
蓟马科	Thripidae	1	2	1	0	0	2
管蓟马科	Phlaeothripidae	0	2	2	0	1	0
蚜科	Aphididae	40	84	98	74	152	49
花蝇科	Anthomyiidae	2	0	1	0	1	0
瘿蚊科	Cecidomyiidae	17	29	26	9	5	20
蝽科	Pentatomidae	1	2	3	1	0	0
金龟子	Scarabaeidae	0	0	2	0	0	0
实蝇科	Tephritidae	0	0	1	0	0	0
眼蕈蚊科	Sciaridae	1	2	1	7	7	5
缘蝽科	Coreidae	0	2	0	0	0	0
叶甲科	Chrysomelidae	5	6	10	11	5	16
蟋蟀科	Gryllidae	1	0	0	0	0	0
寄生类昆虫	Parasitoids	(1.34)	(1.44)	(1.94)	(2.41)	(2.22)	(2.69)
寄蝇科	Tachinidae	0	0	1	1	0	0
头蝇科	Pipunculidae	0	1	0	1	0	0
分盾细蜂科	Ceraphronidae	13	16	12	1	0	1
螯蜂科	Dryinidae	4	0	5	0	0	0
肿腿蜂科	Bethylidae	0	0	2	1	1	0
环腹瘿蜂科	Figitidae	2	2	3	5	2	3

功能团 Guilds	学名 Family	长兴 I			长兴 II		
		T1C-19	T2A-1	MH63	T1C-19	T2A-1	MH63
姬蜂科	Ichneumonidae	2	1	1	7	7	12
茧蜂科	Braconidae	23	18	47	9	11	30
赤眼蜂科	Trichogrammatidae	0	1	2	2	0	3
缨小蜂科	Mymaridae	1	6	3	4	1	1
姬小蜂科	Eulophidae	15	7	26	3	7	12
金小蜂科	Pteromalidae	19	23	28	12	19	35
跳小蜂科	Encyrtidae	11	6	5	6	1	5
小蜂科	Eurytomidae	0	1	0	0	0	0
广肩小蜂科	Chalcididae	1	1	10	0	0	0
锤角细蜂科	Diapriidae	25	37	42	2	2	3
缘腹细蜂科	Scelionidae	7	21	12	0	2	5
捕食性天敌	Predators	(22.37)	(21.40)	(22.04)	(24.97)	(26.35)	(20.88)
螳科	Coenagrionidae	5	2	2	1	3	0
蜓科	Aeshnidae	0	0	3	0	0	0
蜻科	Libellulidae	2	5	0	0	0	0
长足虻科	Dolichopodidae	18	13	17	2	2	3
舞虻科	Empididae	122	108	113	99	90	202
宽尾蝽科	Veliidae	41	59	33	22	76	38
黑肩绿盲蝽	<i>Cyrtorhinus livipennis</i>	1036	1061	1122	231	252	292
瓢虫科	Coccinellidae	6	16	9	2	1	3
花蝽科	Anthoridae	1	0	4	0	0	0
食蚜蝇科	Syrphinae	0	1	0	0	0	0
步甲科	Carabidae	6	7	1	2	4	1
水蝽科	Mesoveliidae	2	0	0	0	0	0
草蛉科	Chrysopidae	0	0	0	1	3	1
隐翅甲科	Staphilinidae	16	14	17	6	3	5
沼蝇科	Sciomyzidae	0	0	0	19	7	15
蚁科	Formicidae	0	0	1	0	0	2
姬蝽科	Nabidae	4	4	3	0	0	0
胡蜂科	Vespidae	1	0	1	0	0	0
微蛛科	Micryphantidae	286	251	333	37	26	35
球腹蛛科	Theridiidae	109	112	164	26	23	39
狼蛛科	Lycosidae	145	180	193	30	37	53
肖蛸科	Tetragnathidae	86	94	100	59	63	132
跳蛛科	Salticidae	54	55	59	3	5	3

功能团 Guilds	学名 Family	长兴 I			长兴 II		
		TIC-19	T2A-1	MH63	TIC-19	T2A-1	MH63
蟹蛛科	Thomisidae	14	17	8	4	6	8
圆蛛科	Araneidae	38	46	37	11	11	11
盗蛛科	Pisauridae	0	1	2	2	14	11
卷叶蛛科	Dictynidae	0	1	0	0	0	0
猫蛛科	Oxyopidae	56	45	36	0	0	0
管巢蛛科	Clubionidae	2	2	4	3	2	1
腐食类昆虫	Detritivores	(9.39)	(11.43)	(8.75)	(12.75)	(13.30)	(36.76)
长角跳科	Entomobryidae	407	537	325	252	264	1395
等节跳虫科	Isotomidae	8	6	3	2	0	3
圆跳虫科	Sminthuridae	3	6	4	0	0	19
蠓科	Ceratopogonidae	388	497	474	16	29	38
蛾蠓科	Psychodidae	11	18	17	0	5	19
蚤蝇科	Phoridae	24	27	64	16	19	31
粪蚊科	Scatopsidae	17	23	10	0	0	0
菌蚊科	Mycetophilidae	3	4	1	0	0	0
其他类	Others	(26.93)	(20.81)	(23.76)	(9.23)	(11.83)	(5.94)
摇蚊科	Chironomidae	2046	1685	1863	194	274	213
蚊科	Culicidae	391	305	529	10	5	8
果蝇科	Drosophilidae	31	44	46	3	3	21
虻科	Tabanidae	0	1	0	0	0	0
蜜蜂科	Apidae	0	1	0	0	0	1
总体个数	Total	9166	9783	10262	2243	2383	4094

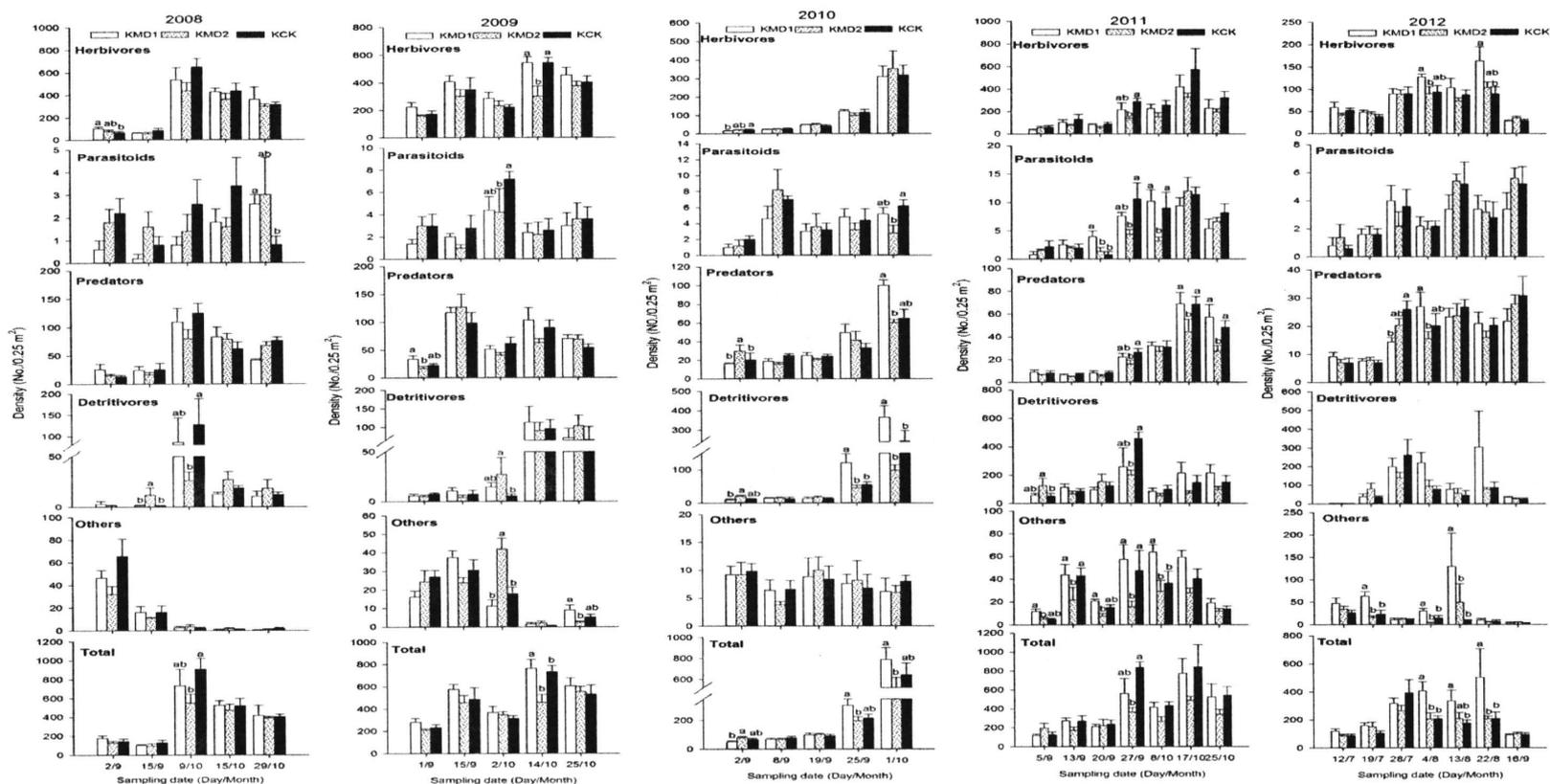


Fig.3.11 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻(KMD1 和 KMD2)及其对照 (KCK) 之间节肢动物功能团密度和总密度的时间动态

Fig.3.11 Temporal dynamics of sub-communities and the whole community between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice plots (KCK) at Hangzhou from 2008 to 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling date are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

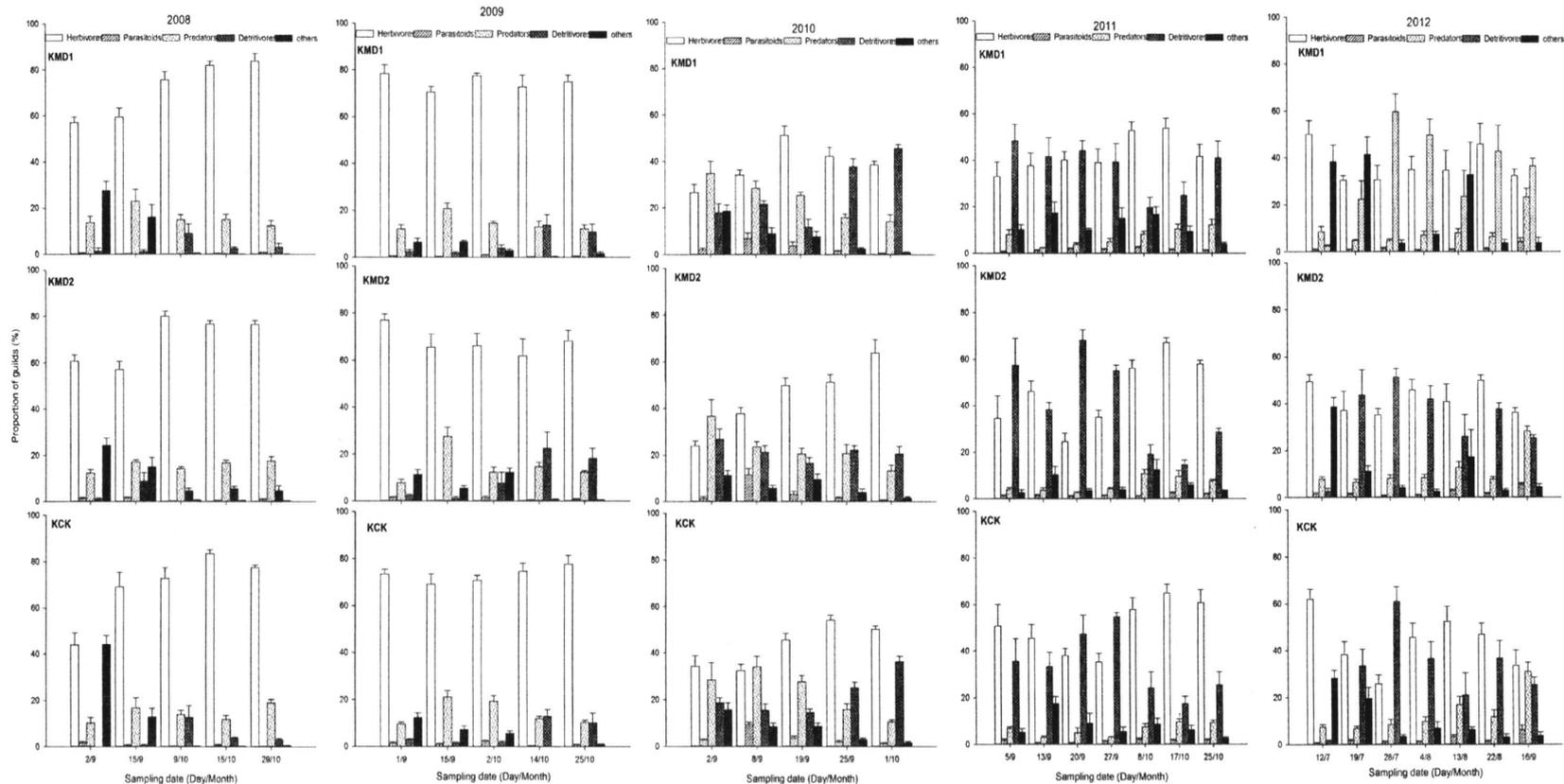


Fig.3.12 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻(KMD1 和 KMD2)及其对照 (KCK) 之间功能团比例的时间动态

Fig.3.12 Temporal dynamics of dominance distribution of sub-communities between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice plots (KCK) at Hangzhou from 2008 to 2012

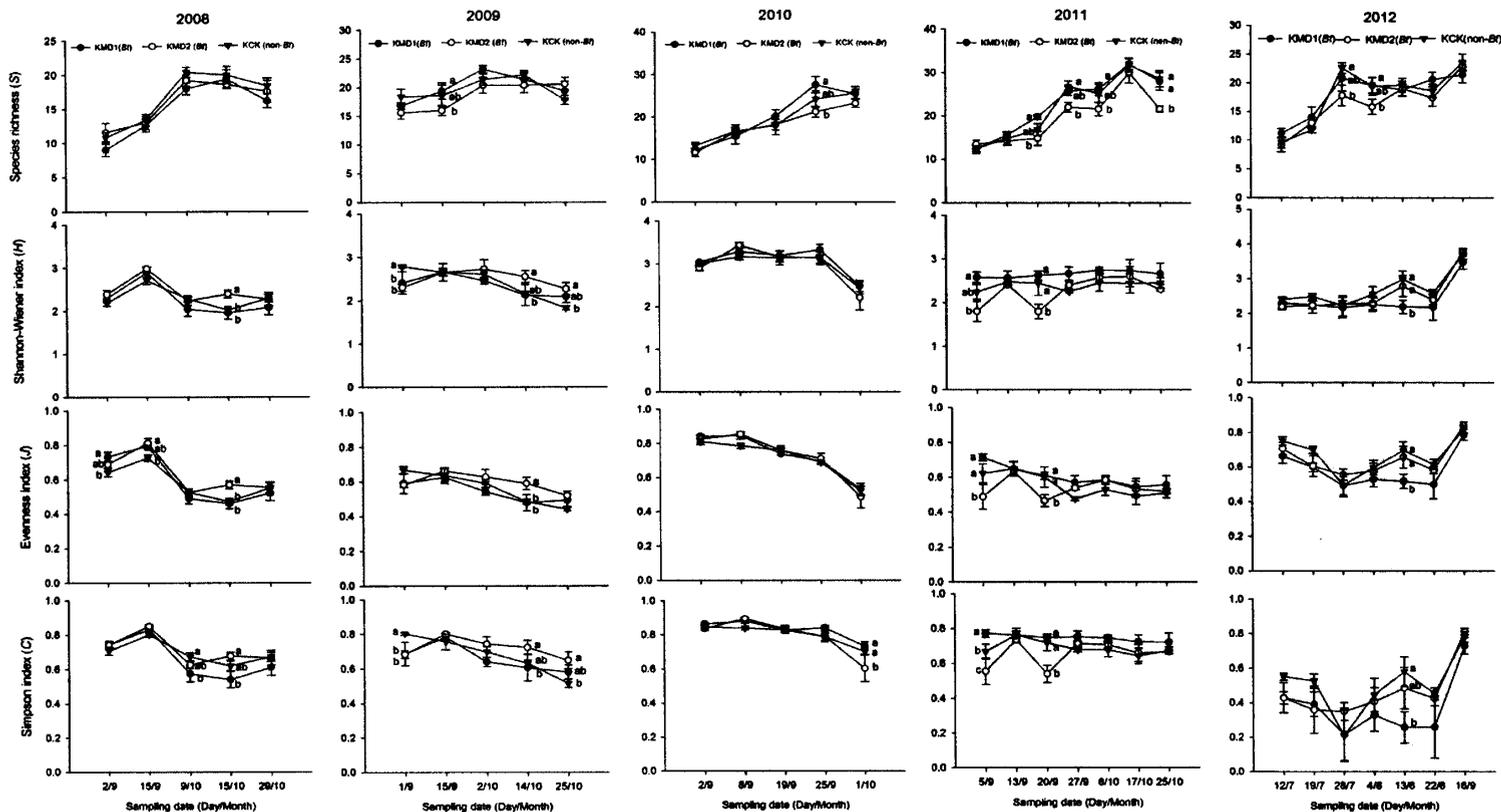


Fig.3.13 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻(KMD1 和 KMD2)及其对照 (KCK) 之间节肢动物群落参数的时间动态

Fig.3.13 Temporal dynamics of arthropod community diversity indices between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice plots (KCK) at Hangzhou from 2008 to 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letter on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

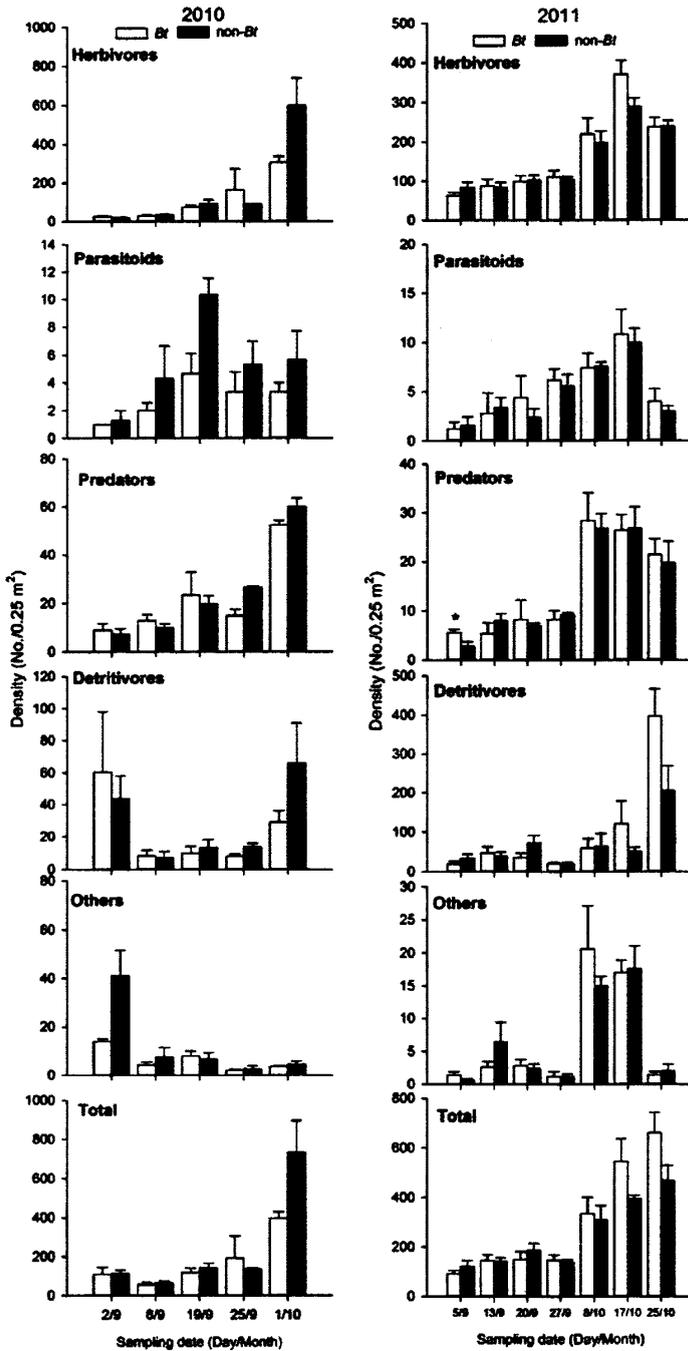


Fig.3.14 长兴 I 试验点 2010-2011 年 *Bt* 水稻(G6H1)及其对照 (XS110) 之间功能团密度及总密度的时间动态

Fig. 3.14 Temporal dynamics of density of sub-communities and the whole arthropod between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing I in 2010 and 2011. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date is significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .

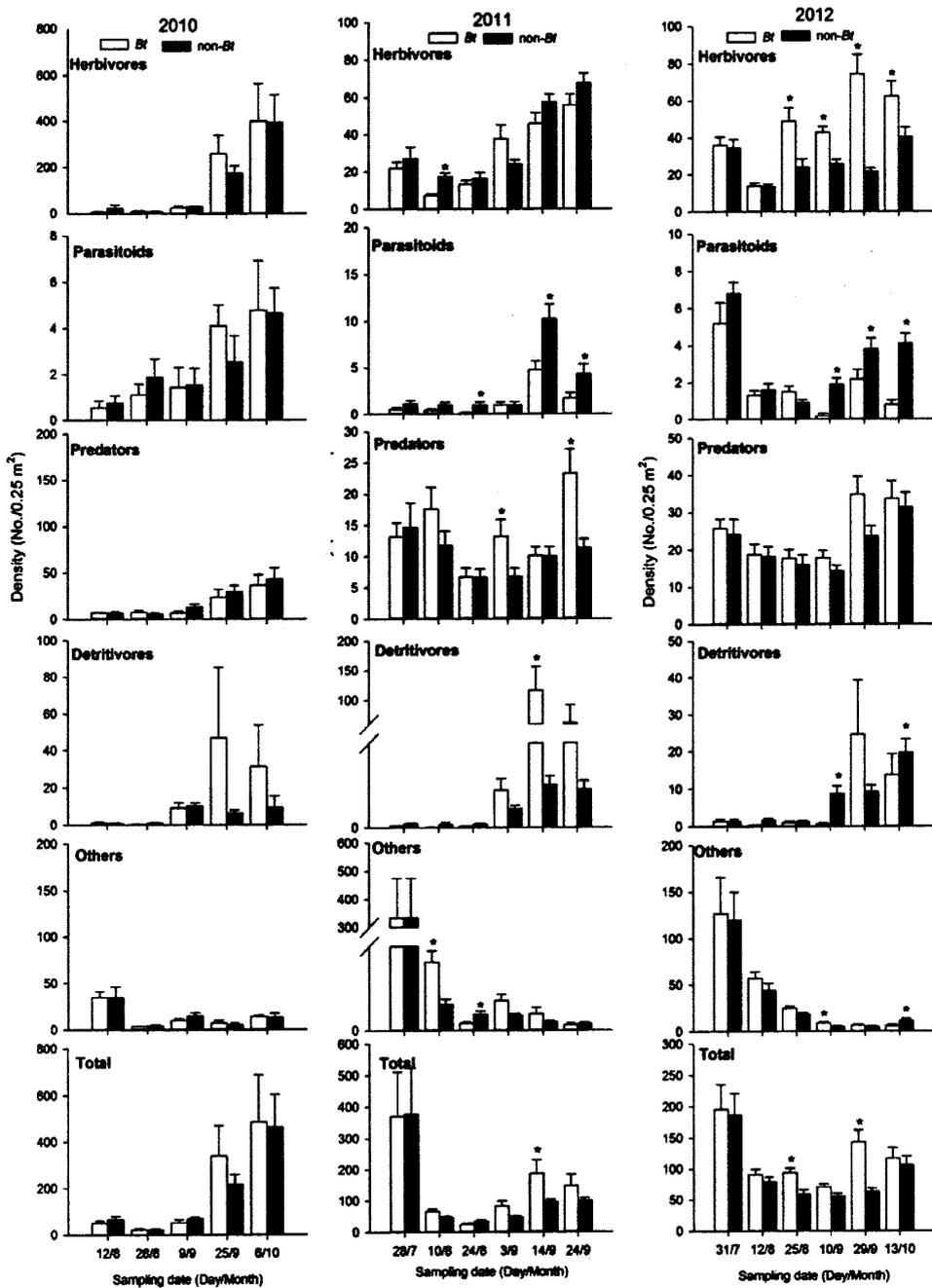
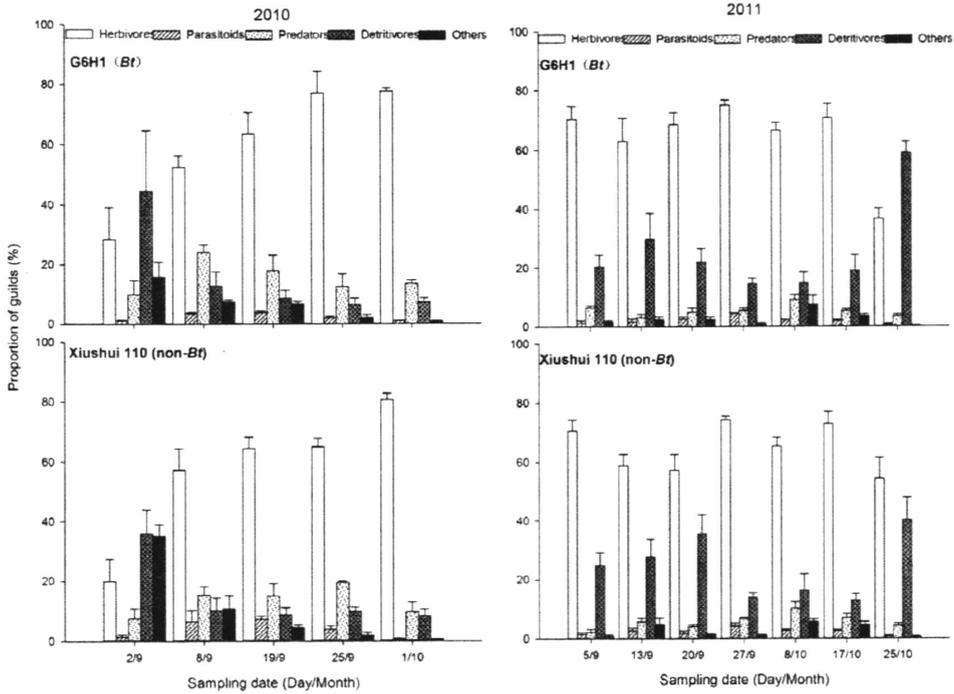


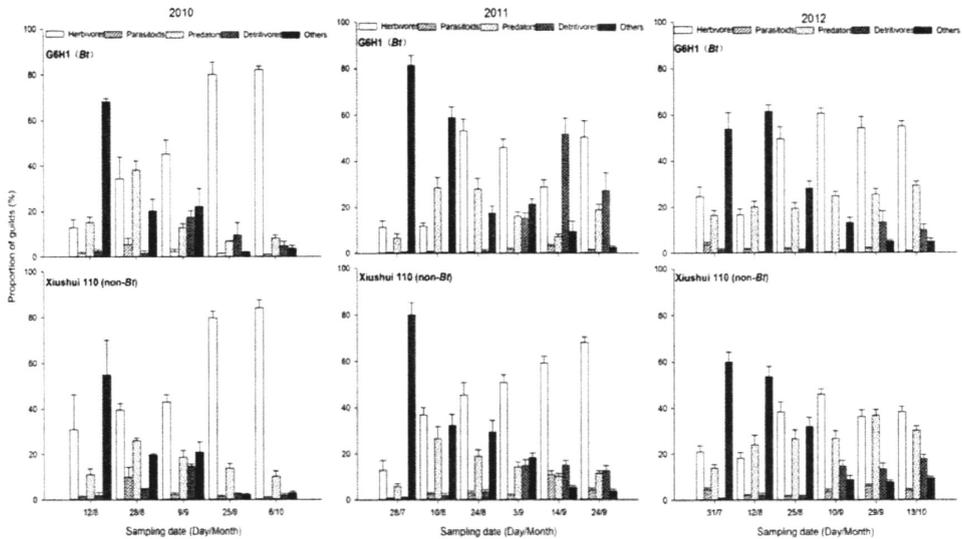
Fig.3.15 长兴 II 试验点 2010-2012 年 *Bt* 水稻(G6H1)及其对照 (XS110) 之间功能团密度及总密度的时间动态

Fig. 3.15 Temporal dynamics of density of sub-communities and the whole arthropod between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at changing II during 2010-2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date is significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .



**Fig.3.16 长兴 I 试验点 2010-2011 年 *Bt* 水稻(G6H1)及其对照 (Xiushui110) 之间功能团比例的时间动态**

**Fig.3.16 Temporal dynamics of dominance distribution of sub-communities between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (Xiushui110) at Changxing I in 2010 and 2011**



**Fig.3.17 长兴 II 试验点 *Bt* 水稻(G6H1)及其对照 (Xiushui110) 之间功能团比例的时间动态**

**Fig.3.17 Temporal dynamics of dominance distribution of sub-communities between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing II during 2010-2012**

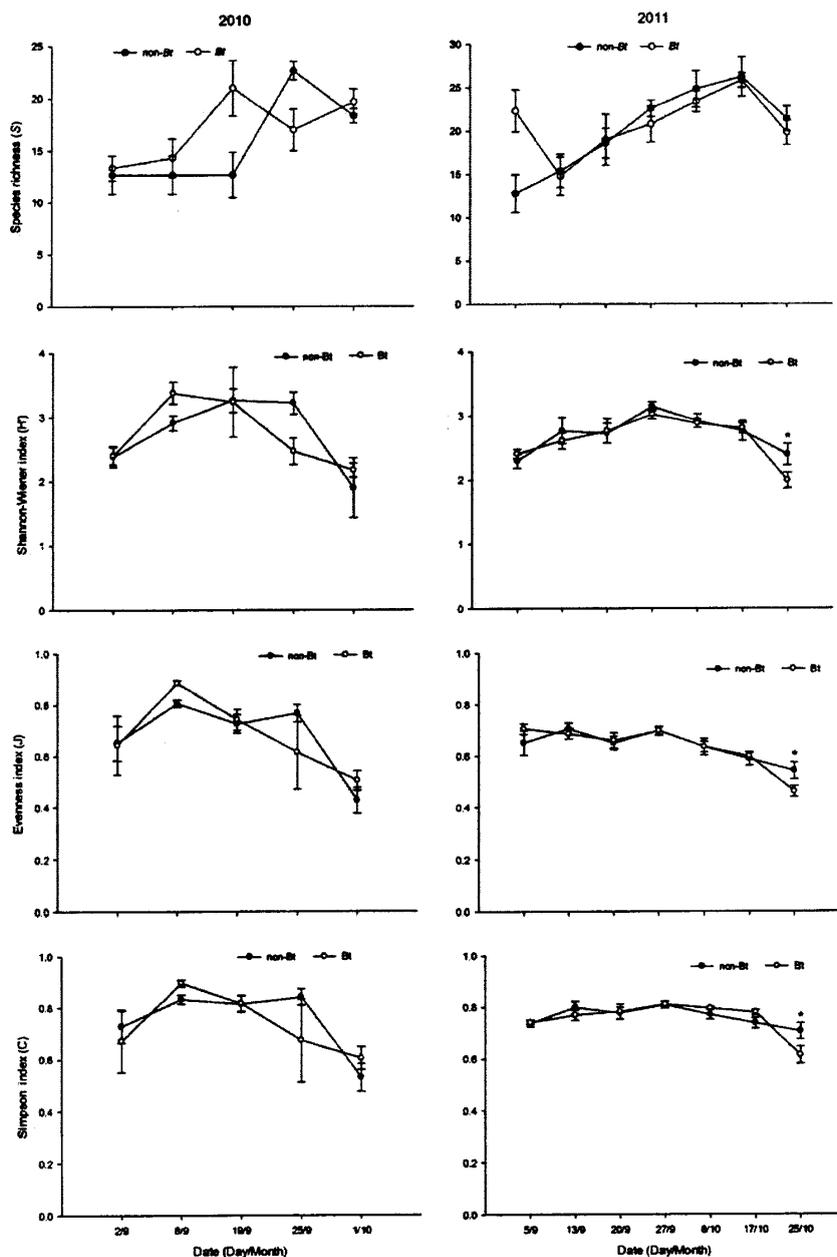


Fig.3.18 长兴 I 试验点 *Bt* 水稻(G6H1)及其对照 (XS110) 之间节肢动物群落参数的时间动态

Fig.3.18 Temporal dynamics of arthropod community diversity indices between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing I in 2010 and 2011. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date is significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .

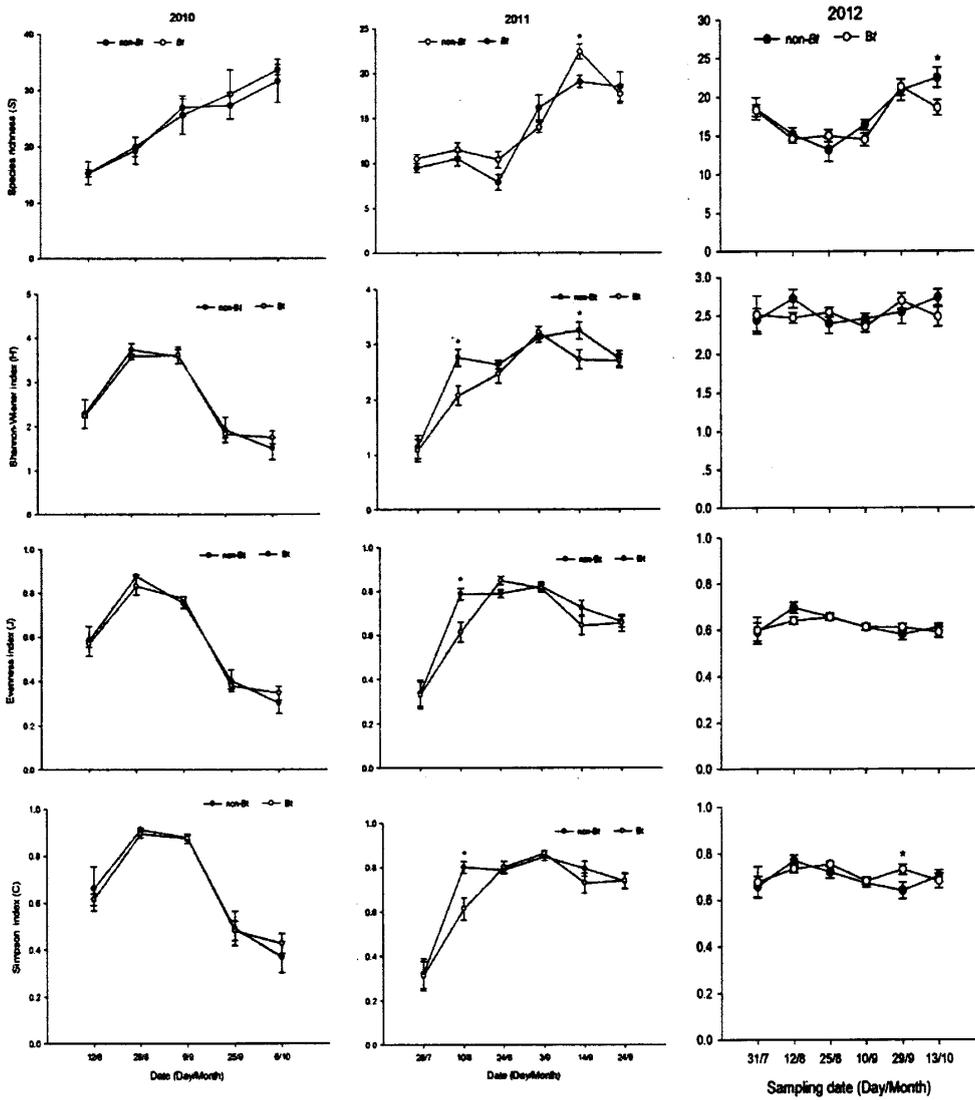


Fig.3.19 长兴 II 试验点 *Bt* 水稻(G6H1)及其对照 (XS110) 之间节肢动物群落参数的时间动态

Fig. 3.19 Temporal dynamics of arthropod community diversity indices between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing II in 2010, 2011, and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date is significantly different based on Student's  $t$  test,  $P=0.05$ .

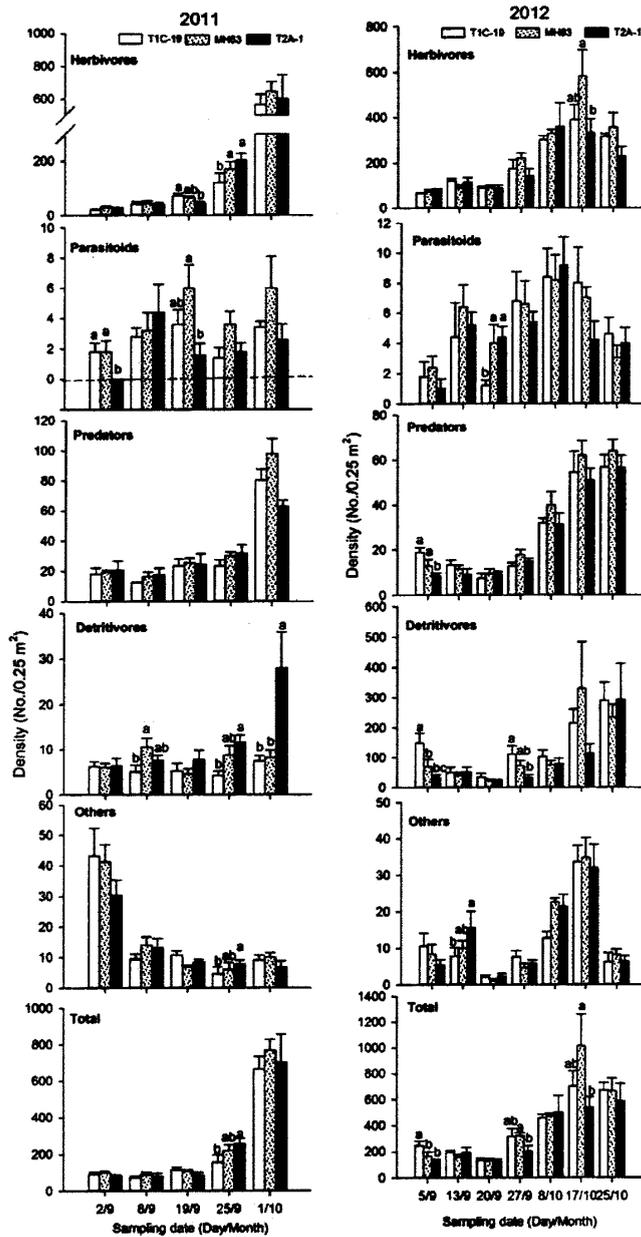


图 3.20 金华试验点 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间功能团密度及总密度的时间动态

Fig.3.20 Temporal dynamics of densities of arthropod whole-communities and sub-communities in *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) plots at Jinhua in 2011 and 2012. Mean±SE ( $n=3$ , No.of 0.25 m<sup>2</sup>). The same letters on the same sampling date are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

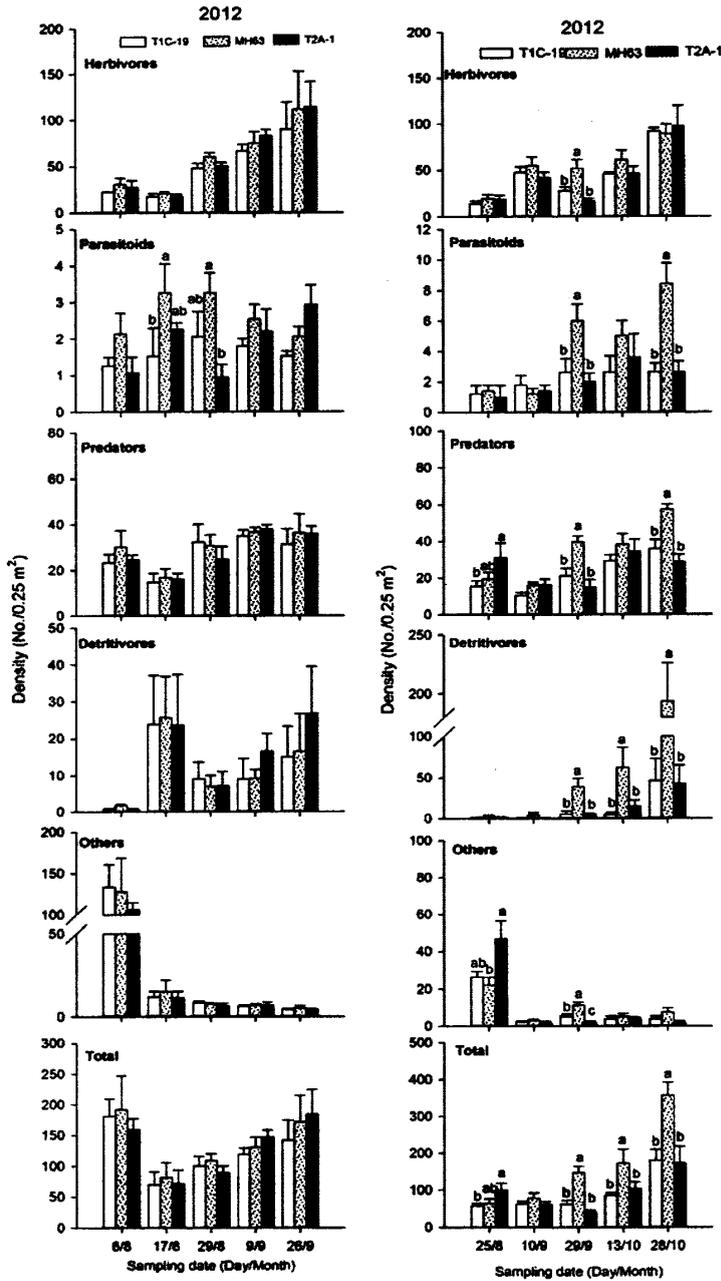


图 3.21 长兴 I 和长兴 II 试验点 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 功能团密度及总密度的时间动态

Fig.3.21 Temporal dynamics of densities of arthropod whole-communities and sub-communities in *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) plots at Changxing I and Changxing II in 2012. Mean±SE ( $n=3$ , No.of 0.25 m<sup>2</sup>). The same letters on the same sampling date are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

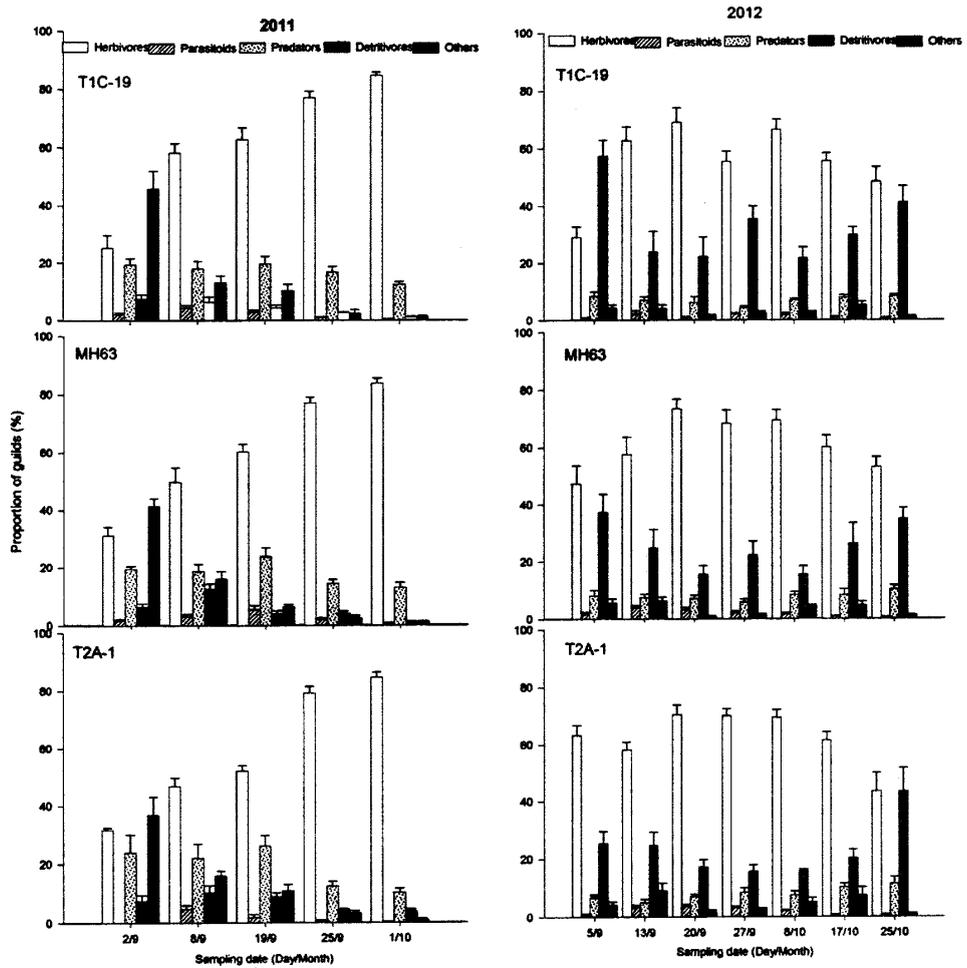


Fig.3.22 金华试验点 *Bt* 水稻 (T1C-19 和 T2A-1) 和对照 (MH63) 之间  
功能团比例的时间动态

Fig.3.22 Temporal dynamics of dominance distribution of sub-communities between *Bt*  
(T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Jinhua in 2011 and 2012

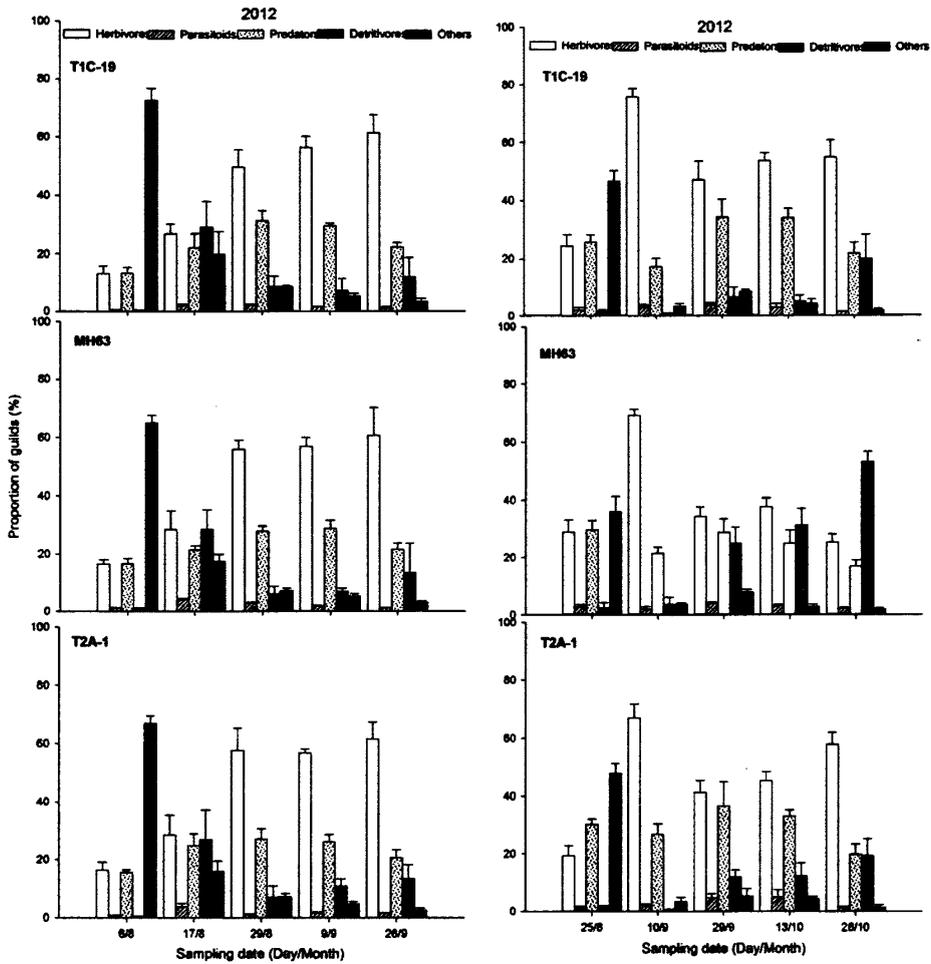


Fig.3.23 长兴 I 和长兴 II 试验点 *Bt* 水稻 (T1C-19 和 T2A-1) 和对照 (MH63) 之间功能团比例的时间动态

Fig.3.23 Temporal dynamics of dominance distribution of sub-communities between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Changxing I and Changxing II in 2012

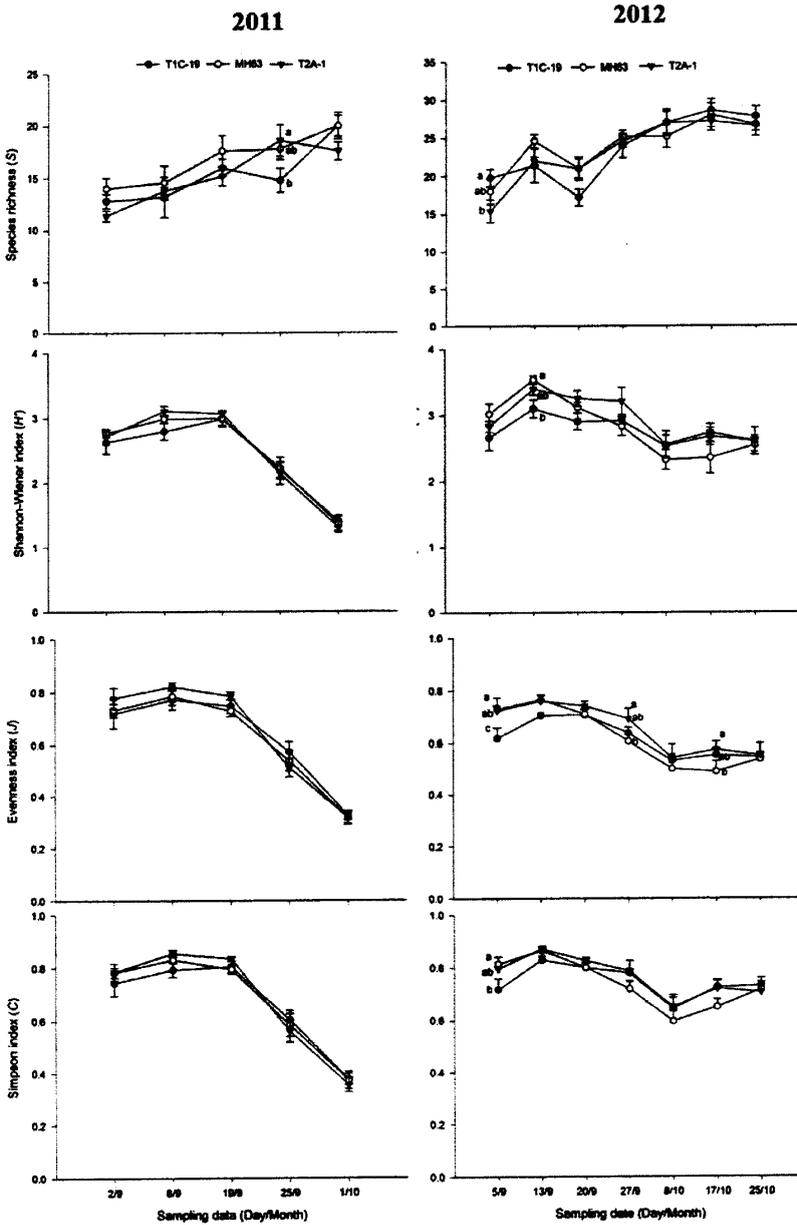


Fig.3.24 金华试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻 (T1C-19 和 T2A-1) 和对照 (MH63) 之间节肢动物群落参数的时间动态

Fig.3.24 Temporal dynamics of arthropod community diversity indices between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Jinhua in 2011 and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

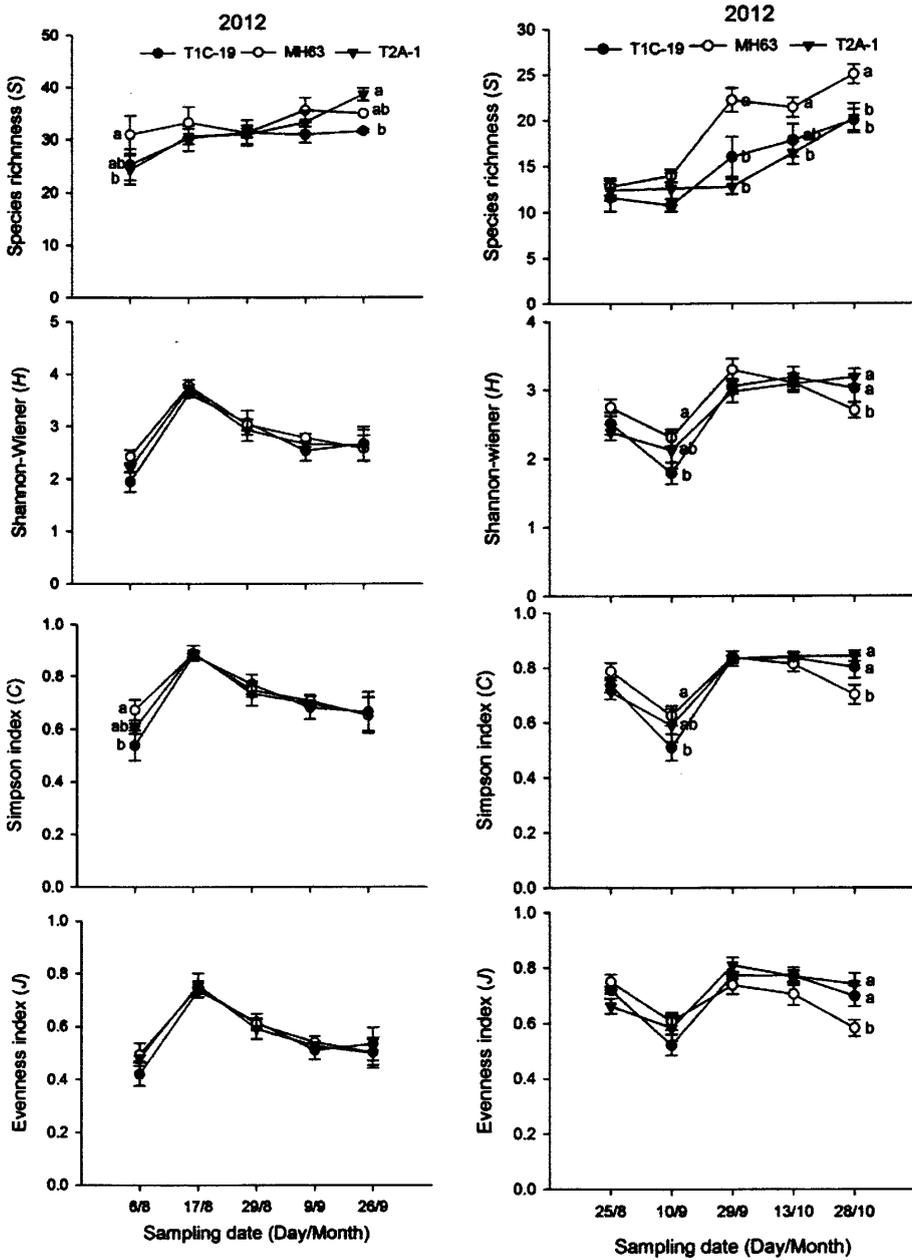


Fig.3.25 长兴 I 和长兴 II 试验点 2012 年 *Bt* 水稻 (T1C-19 和 T2A-1) 和对照 (MH63) 之间节肢动物群落参数的时间动态

Fig.3.25 Temporal dynamics of arthropod community diversity indices between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Changxing I and Changxing II in 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

## 第四章 四类转基因抗虫水稻对非靶标植食性昆虫亚群落及其优势类群数量动态的影响

在稻田生态系统中,以水稻为食的植食性害虫在我国已知有 642 种,共有 10 目 87 科,其中同翅目种数最多,达 162 种,占总种数的 25.69%;半翅目为 123 种,占 19.71%;鳞翅目为 119 种,占 19.07%;直翅目为 103 种,占 16.51%;这 4 目共含有 507 种,占 81.25%。常见的有 76 种,较严重的有 32 种,严重的仅为二化螟、三化螟、稻纵卷叶螟、褐飞虱和白背飞虱(程家安和何俊华 1996)。水稻螟虫对我国造成的总经济损失大概在 115 亿人民币左右(盛承发等. 2003),为了有效控制螟虫的为害 *Bt* 水稻,国内外已有多个研究组相继开展转 *Bt* 基因抗虫水稻的培育(High et al. 2004, Cohen et al. 2008, Chen et al. 2011),并获得了不少抗虫效果好的转基因籼稻、粳稻和杂交稻品系(High et al. 2004),其中有些已进入田间中试(Shu et al. 2000, Tu et al. 2000, Ye et al. 2001a, b)、环境释放或生产性试验(Huang et al. 2005)。田间验证确实显示了良好的抗虫效果和丰产性,展现了巨大的潜能。

*Bt* 水稻虽然对螟虫有比较高的抗性,但是水稻植株中表达的 *Bt* 蛋白可能对非靶标植食者产生影响,前人的研究表明褐飞虱在 *Bt* 水稻上取食时,在其体内检测到 *Bt* 蛋白的存在(Bernal et al. 2002, Tian et al. 2010, Chen et al. 2012, Tian et al. 2012a),长期的取食可能对非靶标害虫的生长、发育、繁殖和种群产生影响,同时 *Bt* 基因插入到水稻的基因组中可能导致水稻植株出现非预期的变化,也可能对非靶标害虫产生影响。目前的研究结果说明,*Bt* 水稻对非靶标植食者的影响根据不同的事例可能有不同的效应(Bernal et al. 2002, 陈茂等. 2003, 傅强等. 2003, Chen et al. 2004, 周霞等. 2005, 谭红等. 2006, Akhtar et al. 2010, Wang et al. 2010, Chen et al. 2012, Akhtar et al. 2013)。Cry1C、Cry2A、Vip3H 蛋白跟 Cry1A 蛋白在靶标害虫体内具有不同的结合位点,在田间环境下,可能导致产生不一样的生态学效应,特别是自 20 世纪 60 年代以来,由于东南亚国家推广耐肥高产品种和偏施氮肥、密植的栽培措施及滥用广谱性、杀生性化学农药,破坏了生态系统,削弱了自然制约因素,改善了褐飞虱发生的生态条件,促进其种群爆发成灾,自 1980 年以来,褐飞虱在中国每年发生的面积约为 1300 万-2000 万 hm<sup>2</sup>,约占全国水稻面积的 50%,年均损失稻谷 10 亿多 kg(程遐年等. 2003)。上述事例让我们认识到,在使用一种技术或防治方法的同时,应该兼顾各个方面,否则就会同农药的过量使用导致害虫抗性的产生和次要害虫的爆发。因此,在评价 *Bt* 水稻对靶标害虫具有很好控制效果的同时,应该开展非靶标植食者方面的研究,评价 *Bt* 水稻种植能否对非靶标植食者产生潜在的影响。

## 1 材料和方法

供试材料和方法见第二章

## 2 结果

### 2.1 非靶标植食性昆虫亚群落类群的组成及其优势度

#### 2.1.1 转 *cry1Ab* 基因粳稻

杭州试验点五年的调查结果显示,非靶标植食性昆虫群落类群的组成在转基因粳稻及其对照之间基本相似。主要包括同翅目 Homoptera 的飞虱科 (Delphacidae)、叶蝉科 (Cicadellidae) 和蚜科 (Aphididae),直翅目 (Orthoptera) 的螞蚱科 (Tettigoniidae)、锥头蝗科 (Pyrgomorphidae)、斑翅蝗科 (Oedipodidae)、斑腿蝗科 (Catantopidae) 和蝼蛄科 (Gryllotalpidae), 缨翅目 (Thysanoptera) 的蓟马科 (Thripidae) 和管蓟马科 (Phlaothripidae), 半翅目 (Hemiptera) 的蝽科 (Pentatomidae)、缘蝽科 (Coreidae)、网蝽科 (Tingidae)、跳蝽科 (Saldidae) 和盲蝽科 (Miridae), 鞘翅目 (Coleoptera) 的象甲科 (Curculionidae)、瓢甲科 (Coccinellidae)、金龟子科 (Scarabaeidae) 和叶甲科 (Chrysomelidae), 双翅目 (Diptera) 的秆蝇科 (Chloropidae)、水蝇科 (Ephydriidae)、大蚊科 (Tipulidae)、花蝇科 (Anthomyiidae)、瘿蚊科 (Cecidomyiidae)、实蝇科 (Tephritidae)、水虻科 (Stratiomyidae)、眼罩蚊科 (Sciaridae) 和潜蝇科 (Agromyzidae)。各个类群优势度的分布在转 *cry1Ab* 基因水稻 KMD1 或 KMD2 与对照 KCK 之间因年度的变化有所不同 (图 4.1)。总体来说,植食类的优势类群主要是飞虱科、叶蝉科、秆蝇科和水蝇科。

#### 2.1.2 转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻

长兴 I 试验点两年和长兴 II 试验点三年的调查结果显示,非靶标植食性昆虫群落类群的组成与转 *cry1Ab* 基因的 KMD 基本相似。其中,长兴 I 试验点中螞蚱科、斑翅蝗科、瓢甲科、金龟子科、水虻科、潜蝇科、蝼蛄科和网蝽科没有发现,长兴 II 试验点中存在蟋蟀科 (Gryllidae),但是潜蝇科、缘蝽科、金龟子科、瓢甲科也没有发现。各个类群优势度的分布在转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻 G6H1 与对照 XS110 之间因年度的变化有所不同 (图 4.2 和图 4.3)。总体上说,植食类的优势类群主要是飞虱科、叶蝉科、秆蝇科和水蝇科。

#### 2.1.3 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻

金华试验点两年以及长兴 I 和 II 试验点各一年的调查结果表明,非靶标植食性昆虫群落

类群的组成与转 *cry1Ab* 基因的 KMD 基本相似。其中, 金华试验点中金龟子科、蝼蛄科、缘蝽科和网蝽科没有发现, 长兴 I 和 II 试验点没有发现螽蟴科、斑翅蝗科、瓢甲科、水虻科、潜蝇科、蝼蛄科和网蝽科, 除上述物种之外, 长兴 II 试验点没有发现斑腿蝗科、金龟子科、缘蝽科, 长兴 I 试验点发现蟋蟀科。各个类群优势度的分布在转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻 T1C-19 或 T2A-1 与对照 MH63 之间因年度和地点的不同有所不同(图 4.4 和图 4.5)。总体上来说, 植食类的优势类群主要是飞虱科、叶蝉科、秆蝇科和水蝇科。

## 2.2 优势类群的组成及密度的时间动态

### 2.2.1 秆蝇科和水蝇科密度的时间动态

#### 2.2.1.1 转 *cry1Ab* 基因粳稻

转 *cry1Ab* 基因粳稻 KMD1 和 KMD2 及对照的秆蝇科和水蝇科密度的时间动态见图 4.6, 从结果来看, 除少数几个取样时间存在差异之外, 秆蝇科和水蝇科密度的时间动态基本一致。

#### 2.2.1.2 转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻

转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻 G6H1 及对照的秆蝇科和水蝇科密度的时间动态见图 4.7 和图 4.8, 从结果来看, 除少数几个取样时间存在差异之外, 秆蝇科和水蝇科密度的时间动态基本一致。

#### 2.2.1.3 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻

转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻 T1C-19 和 T2A-1 及对照的秆蝇科和水蝇科密度的时间动态见图 4.9 和 4.10, 从结果来看, 除少数几个取样时间存在差异之外, 秆蝇科和水蝇科密度的时间动态基本一致。

### 2.2.2 飞虱和叶蝉类组成与密度的时间动态

#### 2.2.2.1 转 *cry1Ab* 基因粳稻

转 *cry1Ab* 基因粳稻 KMD1 和 KMD2 及其对照 KCK 的飞虱类和叶蝉类的组成与密度的时间动态见表 4.1 和图 4.6。从表 4.1 中可以看出, *Bt* 水稻和对照的飞虱和叶蝉类组成基本相似。飞虱类主要包括白背飞虱、褐飞虱和灰飞虱, 叶蝉类主要包括黑尾叶蝉、二点叶蝉和电光叶蝉。其中飞虱类的优势种是白背飞虱和褐飞虱, 叶蝉类的优势种是黑尾叶蝉。从图 4.6 中飞虱类和叶蝉类的种群密度的动态来看, 除少数的取样时间 *Bt* 水稻和对照之间存在差

异之外，种群的时间动态基本一致。

#### 2.2.2.2 转 *cry1Ab/vip3H* 基因梗稻

转 *cry1Ab/vip3H* 基因梗稻 G6H1 及对照的飞虱类和叶蝉类的组成与密度的时间动态见表 4.2、图 4.7 和 4.8。从表 4.2 中可以看出，*Bt* 水稻和对照的飞虱和叶蝉类组成基本相似。飞虱类主要包括白背飞虱、褐飞虱和灰飞虱，叶蝉类主要包括黑尾叶蝉、二点叶蝉和电光叶蝉。其中飞虱类的优势种是白背飞虱和褐飞虱，叶蝉类的优势种是黑尾叶蝉。从图 4.7 和 4.8 飞虱类和叶蝉类的种群密度的动态来看，除少数的取样时间 *Bt* 水稻和对照之间存在差异之外，种群的时间动态基本一致。

#### 2.2.2.3 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻

转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻 T1C-19 和 T2A-1 及对照的飞虱类和叶蝉类的组成与密度的时间动态见表 4.3、图 4.9 和 4.10。从表 4.3 中可以看出，*Bt* 水稻和对照的飞虱和叶蝉类组成基本相似。飞虱类主要包括白背飞虱、褐飞虱和灰飞虱，叶蝉类主要包括黑尾叶蝉、二点叶蝉和电光叶蝉。其中飞虱类的优势种是白背飞虱和褐飞虱，叶蝉类的优势种是黑尾叶蝉。从图 4.9 和 4.10 飞虱类和叶蝉类的种群密度的动态来看，除少数的取样时间 *Bt* 水稻和对照之间存在差异之外，种群的时间动态基本一致。

### 2.3 常见优势种群的密度及时间动态

#### 2.3.1 转 *cry1Ab* 基因梗稻

从表 4.1 中可以看出，飞虱类和叶蝉类的各个物种的平均密度随着年份的不同而有所不同。*Bt* 水稻和对照之间的白背飞虱 (*Sogatella furcifera* Horváth)、二点叶蝉 (*Cicadula fasciifrons* Stål) 和电光叶蝉 (*Recilia dorsalis* Motschulsky) 的年度平均密度没有受到品种类型的影响，但是灰飞虱 (*Laodelphax striatellus* Fallén)、褐飞虱 (*Nilaparvata lugens* Stål) 和黑尾叶蝉 (*Nephotettix cincticeps* Uhler) 的年度平均密度受到水稻类型的影响，其中 *Bt* 水稻上灰飞虱的密度在 2008 年和 2010 年显著的低于或者等同于对照田，*Bt* 水稻上褐飞虱的密度在 2008 年、2009 年和 2011 年显著的少于对照水稻品种 KCK。对于黑尾叶蝉，KMD2 上的平均密度在 2009 年和 2011 年显著低于对照，KMD1 上的则和对照上的没有差异，其余年份中，灰飞虱、褐飞虱和黑尾叶蝉的年度密度则没有受到影响。总体来说，*Bt* 水稻对白背飞虱、二点叶蝉和电光叶蝉的种群动态没有影响，虽然灰飞虱、褐飞虱和黑尾叶蝉的种群

动态受到 *Bt* 水稻的影响，但是并不存在一致性规律。

飞虱类的优势种白背飞虱和褐飞虱以及叶蝉类的优势种黑尾叶蝉，成虫、若虫和成虫若虫总密度的时间动态见图 4.11-4.13。*Bt* 水稻和对照之间的白背飞虱、褐飞虱和黑尾叶蝉的成虫、若虫和成虫若虫总密度的时间动态，除极个别的取样时间点存在差异之外，整个的趋势在不同的水稻品种之间基本一致。

表 4.1 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间  
飞虱和叶蝉主要物种整个取样时间内密度的年度比较

Table 4.1 Seasonal densities of each species of planthoppers or leafhoppers collected by the vacuum-suction machine from *Bt* (KMD1 and KMD2) and control plots (KCK) at Hangzhou during 2008-2012

Year	Line	<i>S. furcifera</i>	<i>L. striatellus</i>	<i>N. lugens</i>	<i>N. cincticeps</i>	<i>C. fasciifrons</i>	<i>R. dorsalis</i>
2008	KMD1	32.52±5.07	2.32±0.42c	15.24±1.88b	199.32±29.28	1.32±1.07	13.76±1.48
	KMD2	28.12±6.06	4.20±0.43b	22.68±3.79b	145.31±16.54	0.76±0.35	16.52±1.95
	KCK	35.04±4.99	6.72±0.87a	41.24±10.37a	174.64±14.39	0.60±0.21	17.28±1.17
2009	KMD1	37.04±3.52	3.28±0.42	7.04±1.10b	252.84±23.86a	0.80±0.19	1.80±0.28ab
	KMD2	33.28±6.13	2.12±0.34	6.44±1.04b	149.64±10.36b	0.56±0.12	1.36±0.27b
	KCK	46.80±10.99	3.24±0.52	17.96±8.55a	223.36±18.29a	0.36±0.17	2.16±0.33a
2010	KMD1	36.64±10.09b	1.48±0.50b	8.88±1.64	4.52±1.23	2.00±0.63	0.32±0.17
	KMD2	61.48±13.32a	2.20±0.73ab	7.52±1.09	3.84±0.43	2.76±0.39	0.40±0.09
	KCK	50.32±7.94ab	2.88±0.51a	9.92±1.39	5.44±0.32	1.56±0.17	0.48±0.14
2011	KMD1	114.43±30.79	1.63±0.15	31.54±6.81b	12.23±3.09a	6.54±2.30	0.89±0.21a
	KMD2	93.09±10.53	1.29±0.32	24.80±2.84b	5.74±0.70b	2.63±0.56	0.46±0.08ab
	KCK	135.74±21.70	1.94±0.29	69.91±21.70a	9.94±1.92a	3.40±0.92	0.43±0.09b
2012	KMD1	13.57±0.59	0.40±0.07	5.60±0.40	42.49±3.89	17.66±3.72a	1.03±0.20
	KMD2	9.97±0.45	0.60±0.17	5.74±0.70	35.00±1.87	8.91±1.19b	0.71±0.13
	KCK	11.46±0.89	0.31±0.10	4.97±0.92	30.09±3.62	10.43±2.13ab	1.11±0.03
	<i>F</i> <sub>2,60</sub> ; <i>P</i>	1.36; 0.265	6.12; <b>0.004</b>	8.88; <b>&lt;0.001</b>	8.42; <b>&lt;0.001</b>	2.60; 0.082	2.21; 0.119

Means±SE(*n*=3, No./0.25 m<sup>2</sup>). *P* values are caulated based on randomized complete block ANOVA with year as a random factor on arthropod density using Proc Mixed. Values within columns at the same year followed by the same letters are not significantly different based on Tukey's multiple-range test, *P*=0.05. *P* values in bold indicate that values have significant differences among rice types.

### 2.3.2 转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻

从表 4.2 中可以看出，飞虱类和叶蝉类的各个物种的平均密度随着年份和地点的不同

而有所不同。*Bt* 水稻和对照之间的白背飞虱、黑尾叶蝉、二点叶蝉和电光叶蝉的年度平均密度没有受到品种类型的影响，但是灰飞虱和褐飞虱的年度平均密度受到水稻类型的影响，其中 *Bt* 水稻上灰飞虱的密度在长兴 II 试验点的 2011 年和 2012 年显著的高于对照水稻上的，*Bt* 水稻上褐飞虱的密度在长兴 I 试验点的 2011 年和长兴 II 试验点的 2011 和 2012 年显著的高于对照水稻品种 XS110 上的，其余年份中，灰飞虱和褐飞虱的年度密度则没有受到影响。总体来说，*Bt* 水稻对白背飞虱、黑尾叶蝉、二点叶蝉和电光叶蝉的种群密度没有影响，虽然灰飞虱和褐飞虱的种群受到 *Bt* 水稻的影响，但是并不存在一致性。

飞虱类的优势种白背飞虱和褐飞虱以及叶蝉类的优势种黑尾叶蝉，成虫、若虫和成虫若虫总密度的时间动态见图 4.14-4.19。*Bt* 水稻和对照之间的白背飞虱、褐飞虱和黑尾叶蝉的成虫、若虫和成虫若虫总密度的时间动态，除极个别的取样时间点存在差异之外，整个的趋势在不同的水稻品种之间基本一致。

表 4.2 长兴 I 和长兴 II 试验点 *Bt* 水稻 (G6H1) 及其对照田 (XS110)

飞虱和叶蝉主要物种整个取样时间内密度的年度比较

Table 4.2 Seasonal densities of each species of planthoppers or leafhoppers collected by the vacuum-suction machine from *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110)

Sites	Year	Lines	<i>S. furcifera</i>	<i>L. striatellus</i>	<i>N. lugens</i>	<i>N. cincticeps</i>	<i>C. fasciifrons</i>	<i>R. dorsalis</i>
Changxing I	2010	XS110	84.20±16.72	2.27±0.37	36.47±8.12	19.13±0.37	0.93±0.37	3.93±0.82
		G6H1	61.87±16.62	2.67±0.87	22.53±5.57	12.73 ±1.27	1.67±0.37	2.40±0.42
	2011	XS110	70.11±4.77	1.29 ±0.16	17.77±0.68	32.09±2.35	3.46±0.45	0.83±0.19
		G6H1	45.91±2.70	2.00±0.48	29.51±3.42*	54.69±3.25**	3.91±0.71	1.17±0.24
Changxing II	2010	XS110	75.04±19.83	2.49±0.43	34.73±9.58	3.09±1.26	0.93±0.40	1.82±0.24
		G6H1	86.29±32.81	1.71±0.26	36.76±14.32	2.42±0.69	1.76±0.85	2.67±0.82
	2011	XS110	7.12±1.01	0.33±0.08	2.33±0.26	16.13±0.84	1.17±0.13	0.85±0.12
		G6H1	5.78±0.83	0.82±0.17*	4.27±0.50**	11.62±0.83**	0.33±0.15**	0.82±0.24
	2012	XS110	6.80±0.51	0.85± 0.10	7.62±0.64	3.27±0.36	0.38±0.09	1.38±0.17
		G6H1	9.50±0.81	2.52±0.30*	18.87±1.79**	6.52±0.64**	0.57±0.11	1.93±0.24
<i>F</i> <sub>1,52</sub> ; <i>P</i>			1.01; 0.319	9.68; <b>0.003</b>	8.30; <b>0.006</b>	2.25; 0.139	1.23; 0.272	0.13; 0.724

Means±SE(*r*=3, No./0.25 m<sup>2</sup>). *P* values are caulated based on randomized complete block ANOVA with years and sites as random factor on arthropod density using Proc Mixed, Values within columns at the same year followed by

asterisk \* are not significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ . *P* values in bold indicate that values have significant differences between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110) plots.

### 2.3.3 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻

从表 4.3 中可以看出, 飞虱类和叶蝉类的各个物种的平均密度随着地点和年份的不同而有所不同。*Bt* 水稻和对照之间的灰飞虱、褐飞虱、黑尾叶蝉、二点叶蝉和电光叶蝉的年度平均密度没有受到品种类型的影响, 但是白背飞虱的年度平均密度受到水稻类型的影响, 其中 T2A-1 水稻上白背飞虱的密度在金华试验点的 2012 年显著的低于对照水稻, 然而 T1C-19 水稻上的密度则在长兴 II 试验点的 2012 年显著低于对照 MH63。总体上说, *Bt* 水稻对灰飞虱、褐飞虱、黑尾叶蝉、二点叶蝉和电光叶蝉的种群密度没有影响, 虽然白背飞虱的种群密度受到 *Bt* 水稻的影响, 但是并不存在一致性。

飞虱类的优势种白背飞虱和褐飞虱以及叶蝉类的优势种黑尾叶蝉, 成虫、若虫和成虫若虫总密度的时间动态见图 4.20-4.25。*Bt* 水稻和对照之间的白背飞虱、褐飞虱和黑尾叶蝉的成虫、若虫和成虫若虫总密度的时间动态, 除极个别的取样时间点存在差异之外, 整个的趋势在不同的水稻品种之间基本一致。

表 4.3 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间  
飞虱和叶蝉主要物种整个取样时间内密度的年度比较

Table 4.3 Seasonal densities of each species of planthoppers or leafhoppers collected by the vacuum-suction machine from *Bt* rice (T1C-19 and T2A-1) and the control plots (MH63)

Site	Year	Rice types	<i>S. furcifera</i>	<i>L. striatellus</i>	<i>N. lugens</i>	<i>N. cincticeps</i>	<i>C. fasciifrons</i>	<i>R. dorsalis</i>
Jinhua	2011	T1C-19	39.28±3.75	1.04±0.07	41.72±4.30	4.28±1.15	0.68±0.14b	1.40±0.38
		T2A-1	41.84±5.26	0.84±0.29	46.92±7.98	3.52±0.91	1.80±0.51a	0.96±0.29
		MH63	48.80±3.31	1.24±0.35	47.52±3.06	3.40±0.65	0.88±0.29b	1.68±0.34
	2012	T1C-19	115.34±4.25ab	0.74±0.26	41.80±4.92ab	19.09±2.21	2.14±0.44	1.31±0.12
		T2A-1	101.94±11.25b	1.23±0.32	34.71±8.40b	19.03±3.59	1.43±0.10	1.29±0.23
		MH63	143.89±14.84a	1.03±0.14	52.29±9.57a	18.77±1.87	1.63±0.21	1.11±0.24
Changxing I	2012	T1C-19	11.36±1.03	0.15±0.05	30.49±7.65	0.23±0.04	0.07±0.04	0.72±0.12
		T2A-1	11.44±1.23	0.28±0.04	37.63±4.84	0.47±0.01	0.04±0.00	0.96±0.17
		MH63	11.93±0.61	0.37±0.07	36.91±5.96	0.31±0.10	0.11±0.01	0.97±0.22
Changxing II	2012	T1C-19	8.64±1.05b	0.60±0.11	18.92±1.28	0.68±0.21	0.20±0.09	1.28±0.20
		T2A-1	10.12±1.51ab	0.52±0.12	16.32±1.09	0.76±0.27	0.08±0.05	1.40±0.45
		MH63	11.68±0.78a	0.52±0.16	23.40±1.01	0.60±0.17	0.08±0.08	1.36±0.17
		$F_{2,42}; P$	4.35; <b>0.019</b>	0.54; <b>0.587</b>	2.29; 0.113	0.08; 0.922	0.43; 0.654	0.33; 0.718

Means $\pm$ SE( $r=3$ , No./0.25 m<sup>2</sup>). *P* values are caulated based on randomized complete block ANOVA with years and sites as random factor on arthropod density using Proc Mixed, Values within columns at the same year followed by the same letter are not significantly different based on Tukey's multiple-range test, *P*=0.05. *P* values in bold indicate that values have significant differences among rice types.

### 3 讨论

本章的研究结果表明：转基因 *Bt* 水稻和对照间植食类群的组成和优势类群相似，但是各类群的优势度和密度因转基因品系、年份和地点而异，大多数情况下，优势类群的密度及其时间动态在 *Bt* 水稻和对照之间是相似的，少数情况下水稻品种之间存在差异。

对飞虱和叶蝉各个类群每个物种的分析表明，转 *cry1Ab* 粳稻 KMD 中灰飞虱、褐飞虱和黑尾叶蝉的种群密度在两者之间存在差异，其中灰飞虱和褐飞虱的密度在有些年份以对照显著为高，而黑尾叶蝉的密度则以 *Bt* 水稻显著为高。但是年度之间并不存在一致性的减少或升高。转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻和对照间的灰飞虱和褐飞虱在年度之间存在差异，而且在有些地点或年份，*Bt* 水稻上的种群密度都显著的高于对照，转 *cry1C* 或 *cry2A* 的 T1C-19 和 T2A-1 以及对照之间的白背飞虱在两者之间存在差异，其中有些年份 *Bt* 水稻上的白背飞虱的密度显著的低于对照。各个种类密度时间动态的分析结果表明除个别取样时间，水稻品种之间存在差异之外，大部分的情况下趋势是一致的。总体来说，*Bt* 水稻对各个种类的影响因水稻品系、地点和年代的不同有所不同，*Bt* 水稻对飞虱或叶蝉的影响依据昆虫种类和水稻品系以及地点和年代存在不同的效应。

前人的研究结果也同样证明，*Bt* 水稻对植食类的影响因转基因品系和所评价的昆虫种类而异也不同的结果(Bernal et al. 2002, 陈茂等. 2003, 傅强等. 2003, Chen et al. 2004, 周霞等. 2005, 谭红等. 2006, Akhtar et al. 2010, Wang et al. 2010, Chen et al. 2012, Akhtar et al. 2013)。由于飞虱和叶蝉昆虫的中肠细胞膜上不存在和 *Bt* 蛋白结合的受体，因此 *Bt* 蛋白对叶蝉和飞虱科的昆虫没有直接的毒性，这种现象的出现可能与两个方面的原因有关，第一，*Bt* 作物的种植导致靶标害虫种群密度的降低，那么非靶标害虫种间竞争压力也随着减轻，特别是广谱性农药使用量的减少，非靶标害虫种群可能爆发，Lu 等研究结果就说明随着 *Bt* 棉花在全国种植面积和比例的扩大，防治棉铃虫的广谱性农药也随之降低，那么本来可以兼治的非靶标害虫盲蝽象的种群迅速爆发(Lu et al. 2010)；第二，*Bt* 基因插入到植物的基因组中，由于是随机插入的，它们的整合可能导致植物产量、品质或其他性状的变异。如叶恭银等 1998 年的报道发现转 *cry1Ab* 或 *cry1Ac* 基因水稻，同对照相比，植株高度、穗长、单株

粒重和结实率等都明显减低, 而单株有效分蘖数增多、生育期延长、落粒性增强(叶恭银等, 1998)。Faria 等发现 *Bt* 玉米对玉米蚜 (*Rhopalosiphum maidis*) 种群密度有强烈的促进作用, 可能同 *Bt* 玉米体内氨基酸含量比对照高有关, 而且蚜虫排出的蜜露量也显著的增加 (Faria et al. 2007), Hagenbucher 等通过温室内的试验表明, *Bt* 棉花上靶标害虫为害的减弱, 导致棉花体内次生物质萜类的减少有利于棉蚜的发生和为害, 但是在田间条件下, 这种现象还不是很明显(Hagenbucher et al. 2013)。因此, 非靶标害虫在不同转基因植物和对照之间的表现不同可能是有多方面原因所导致的, 具体的原因还需要做深入的探讨。

此外, 试验的结果也会受到试验持续的时间、试验面积和调查方法的影响, 同时, 插入基因的不同和水稻类型的不同(籼稻和粳稻)所产生的影响也是不一样的, 因此转基因作物安全评价中个案分析原则是十分必要的, 长期的、大规模的、不同生态环境条件下的评价对我们得出合适的结论也是非常必需的。

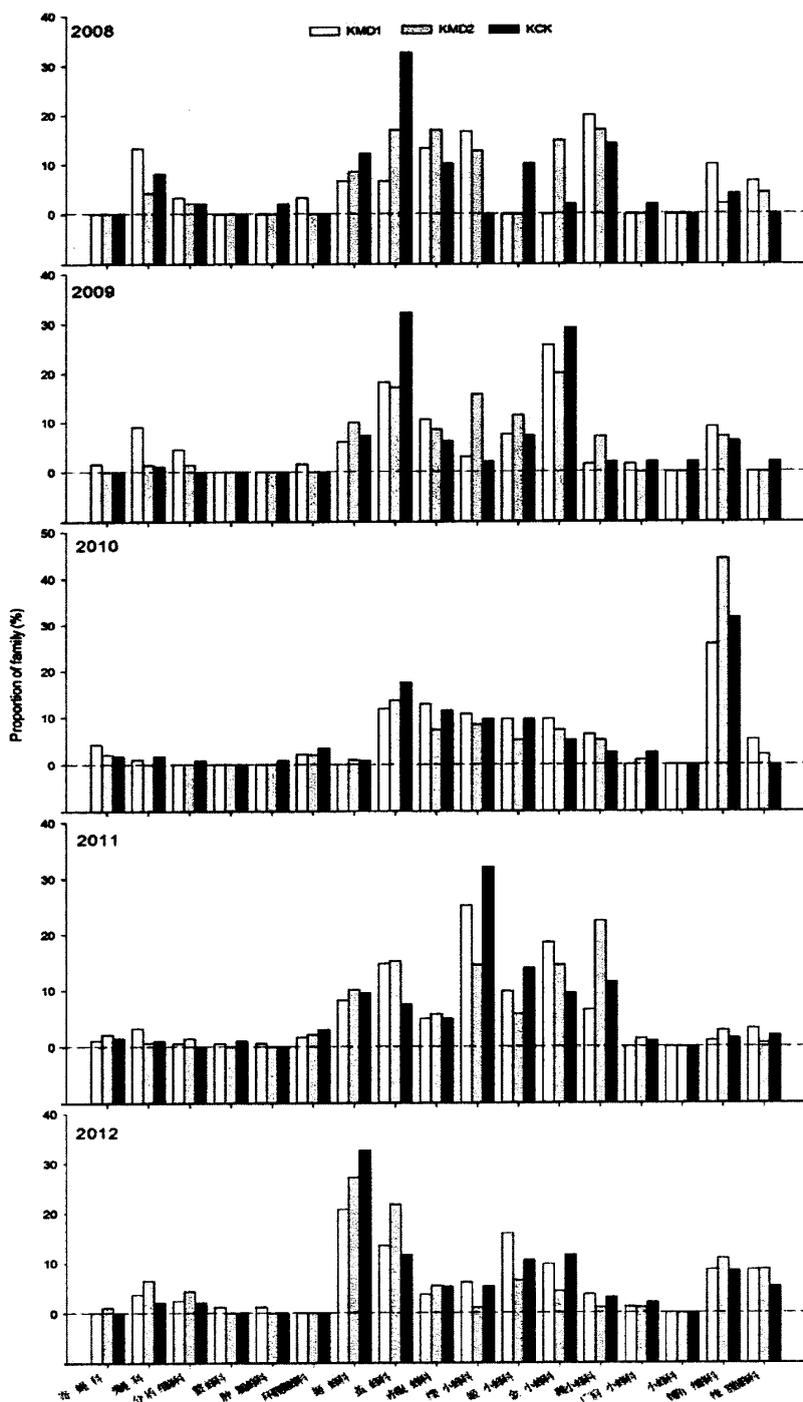


图 4.1 杭州试验点 2008-2012 年 Bt 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间植食类群的组成及其优势度

Fig.4.1 Composition of herbivores sub-communities and their proportion between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice (KCK) at Hangzhou from 2008 to 2012

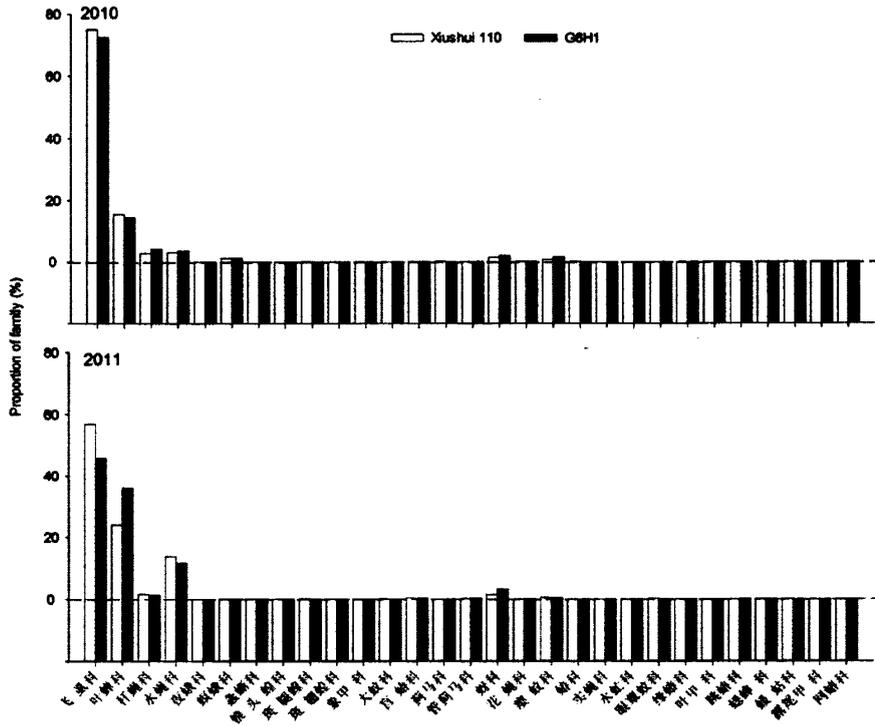
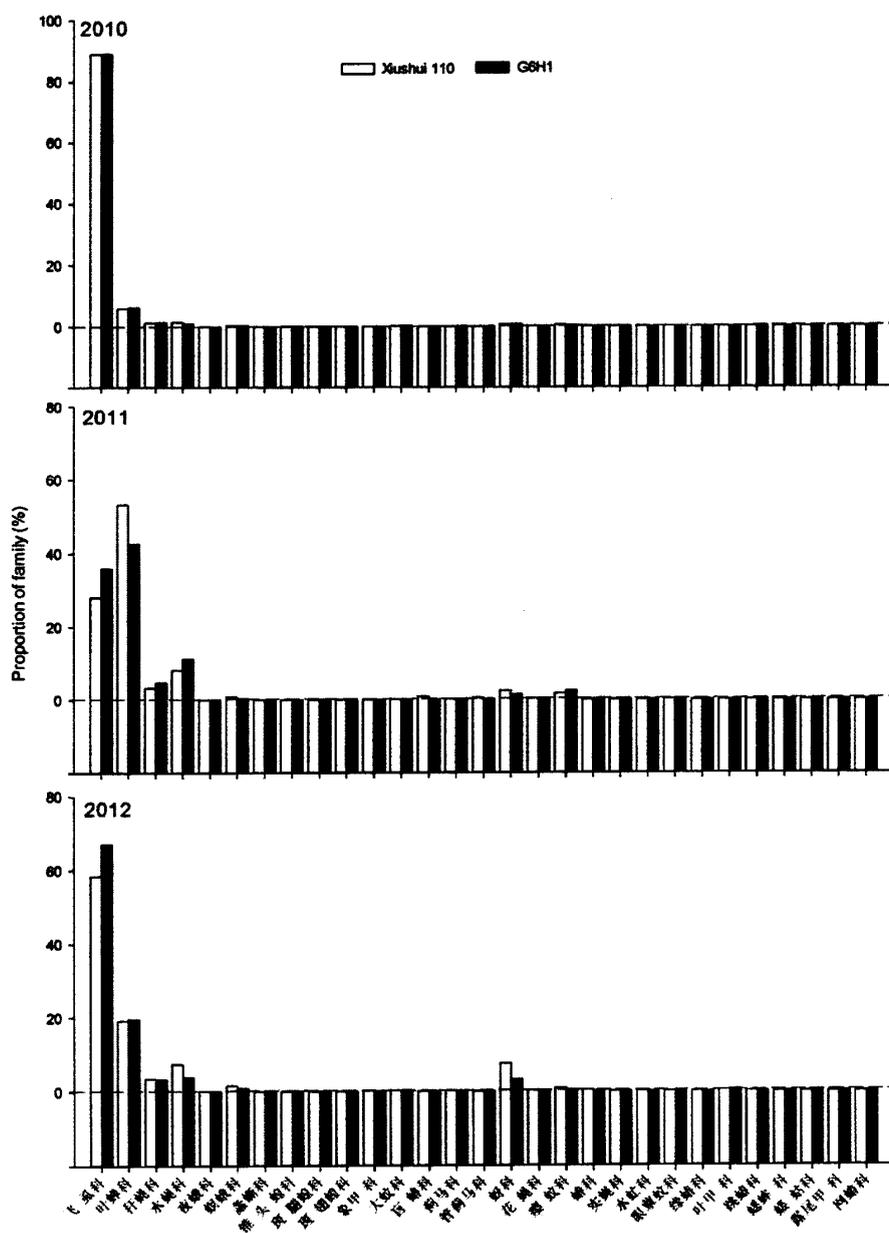


图 4.2 长兴 I 试验点 2010-2011 年 Bt 水稻 (G6H1) 和对照田 (Xishui110) 之间植食类群的组成及其优势度

Fig.4.2 Composition of herbivores sub-communities and their proportion between Bt (G6H1) and non-Bt rice (Xishui110) at Changxing I in 2010 and 2011



图

图 4.3 长兴 II 试验点 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (Xishui10) 之间植食类群的组成及其优势度

Fig.4.3 Composition of herbivores sub-communities and their proportion between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (Xishui110) at Changxing II in 2010, 2011, and 2012

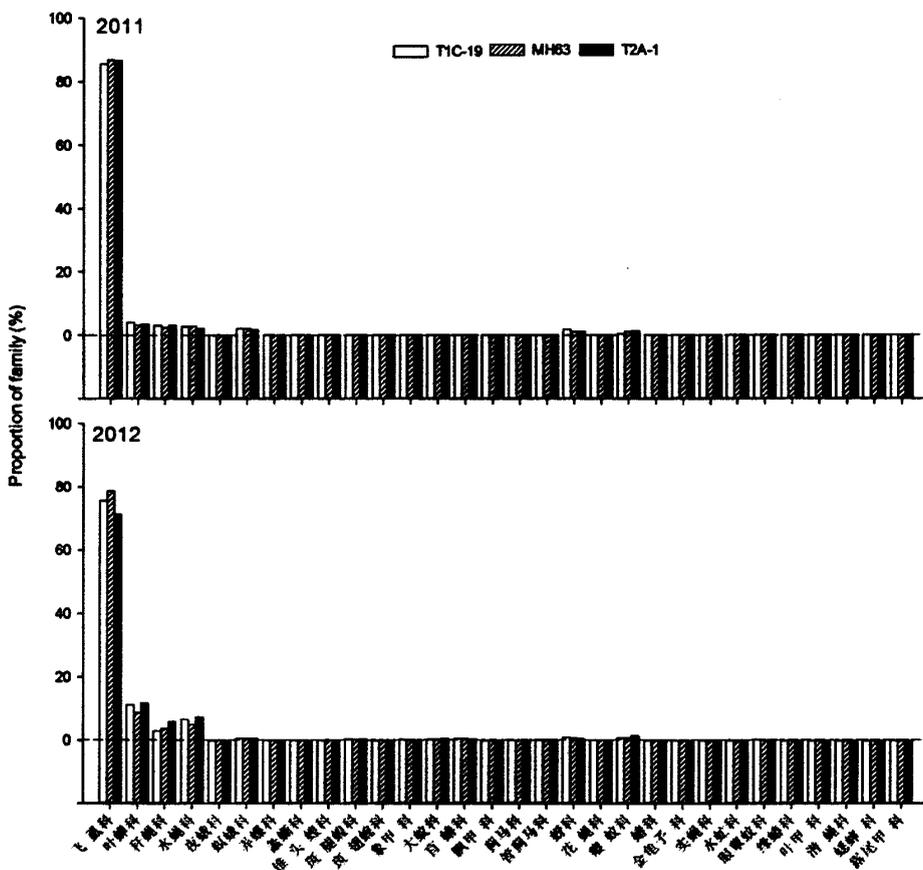


图 4.4 金华试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间植食类群的组成及其优势度

Fig.4.4 Composition of herbivores sub-communities and their proportion between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) at Jinhua in 2011 and 2012



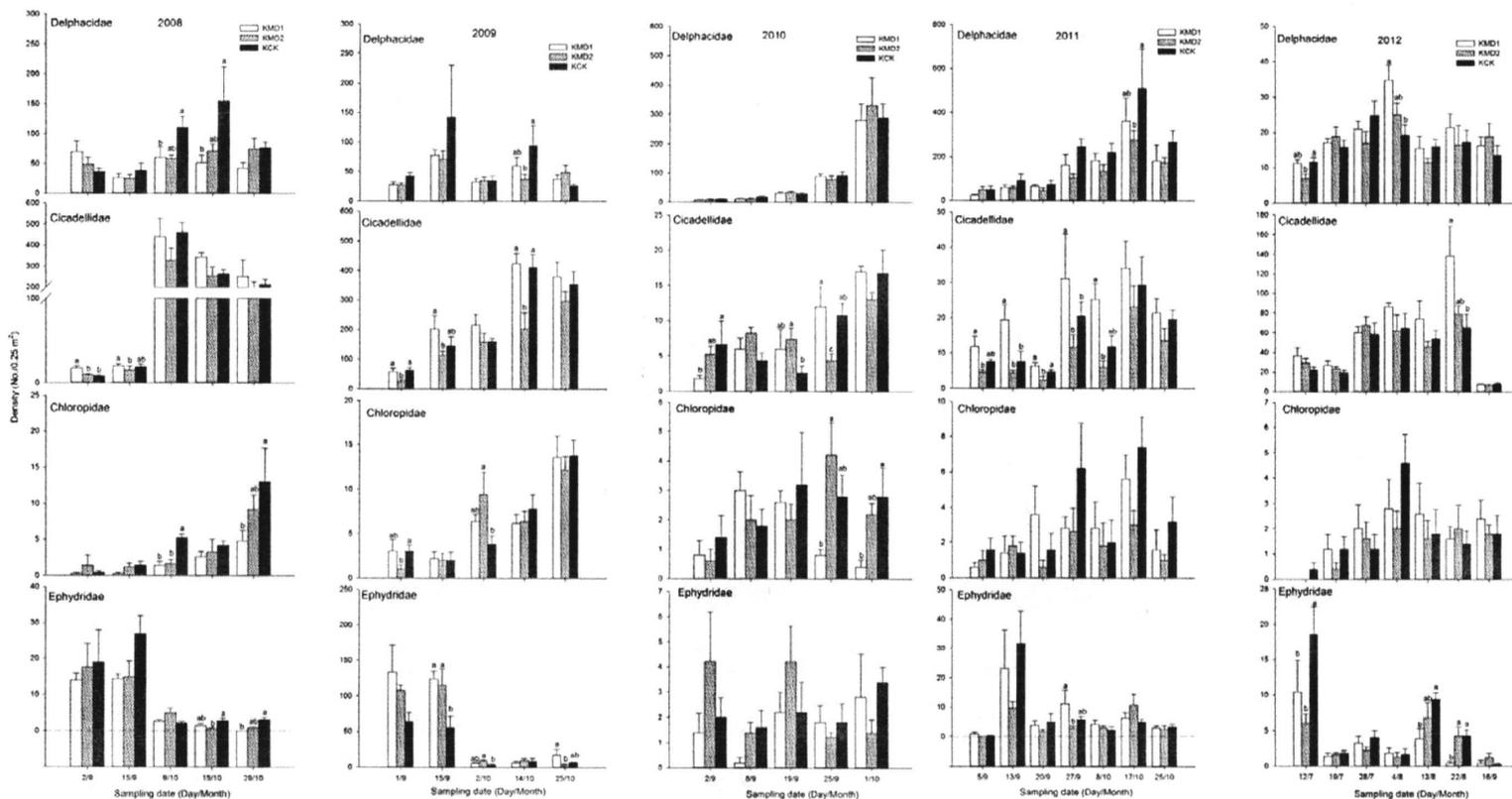


图 4.6 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间植食类优势类群密度的时间动态

Fig.4.6 Temporal dynamics of density of dominant families in herbivores sub-community between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice plots (KCK) at Hangzhou from 2008 to 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling date are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

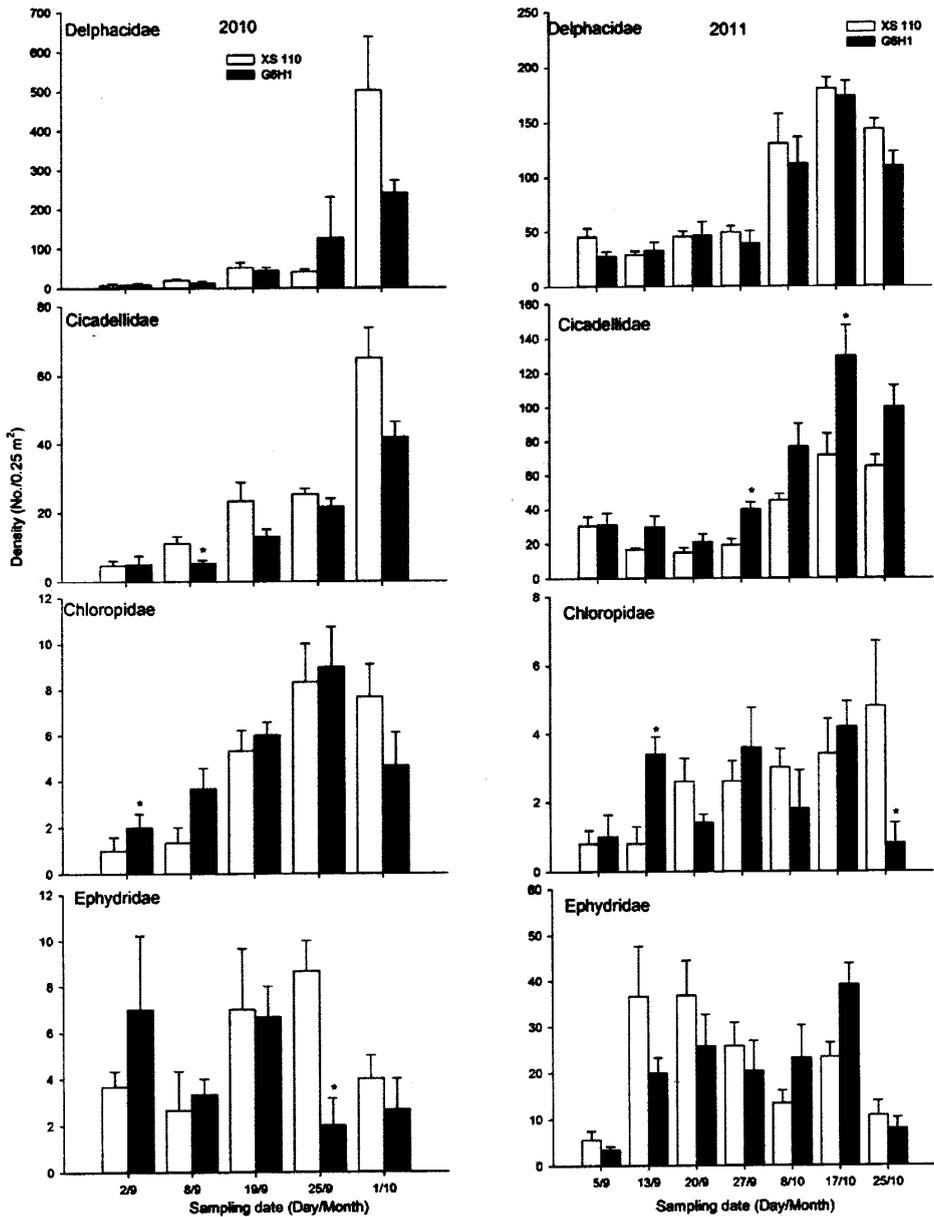


图 4.7 长兴 I 试验点 2010-2011 年 Bt 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间植食类优势类群密度的时间动态

Fig. 4.7 Temporal dynamics of density of dominant families in herbivores sub-community between Bt (G6H1) and non-Bt rice plots (XS110) at Changxing I in 2010 and 2011. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date is significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .

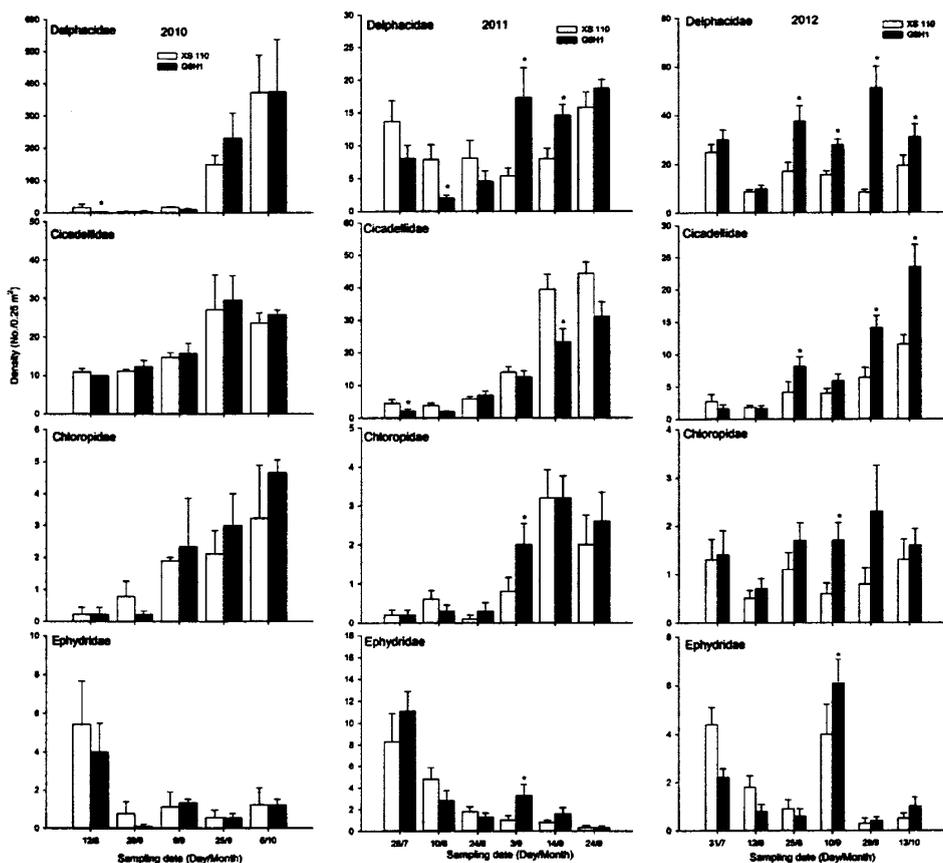


图 4.8 长兴 I 和长兴 II 试验点 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间植食类优势类群密度的时间动态

Fig.4.8 Temporal dynamics of density of dominant families in herbivores sub-community between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing II in 2010、2011 and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date is significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .

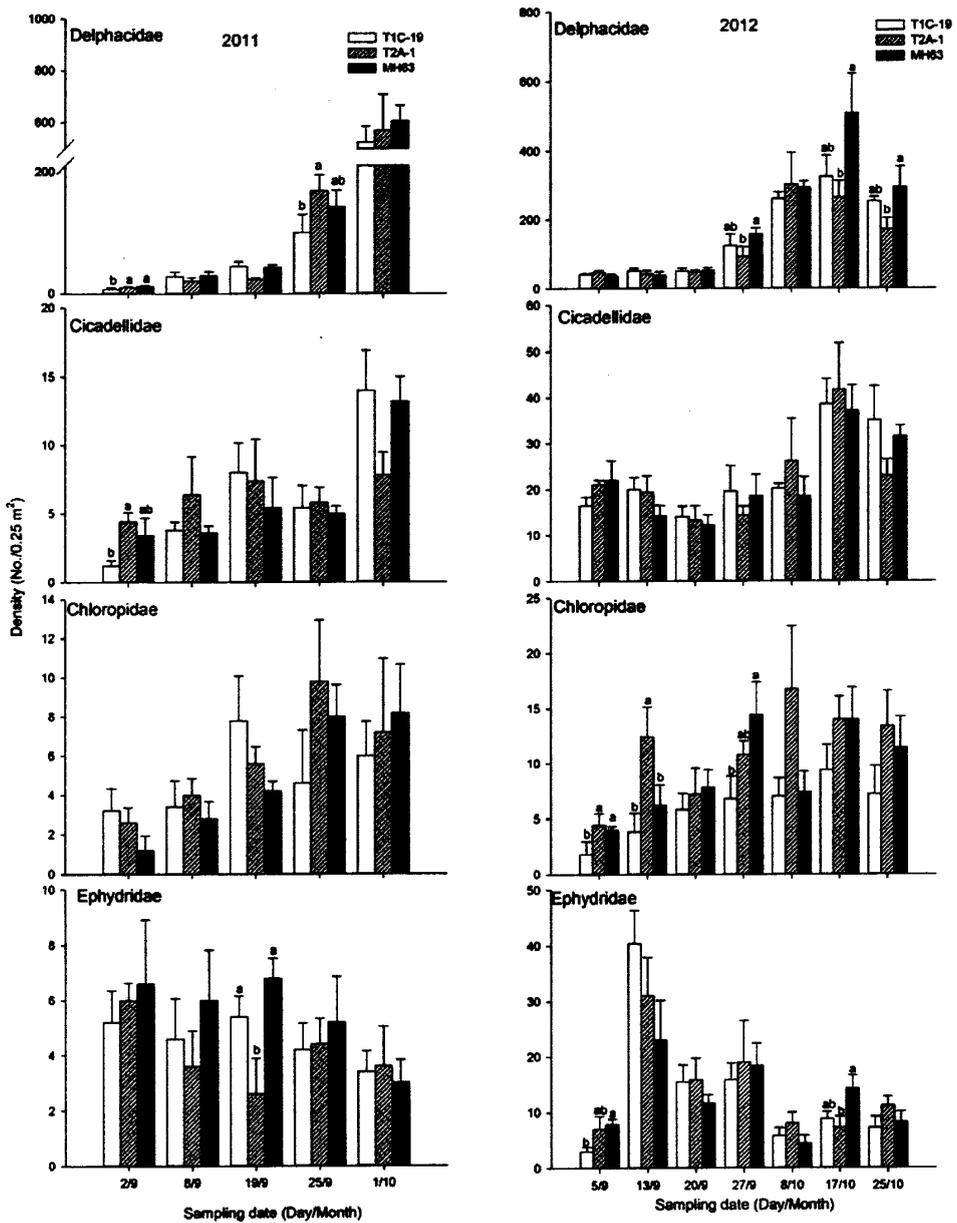


图 4.9 金华试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间植食类优势类群密度的时间动态

Fig.4.9 Temporal dynamics of density of dominant families in herbivores sub-community between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Jinhua in 2011 and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

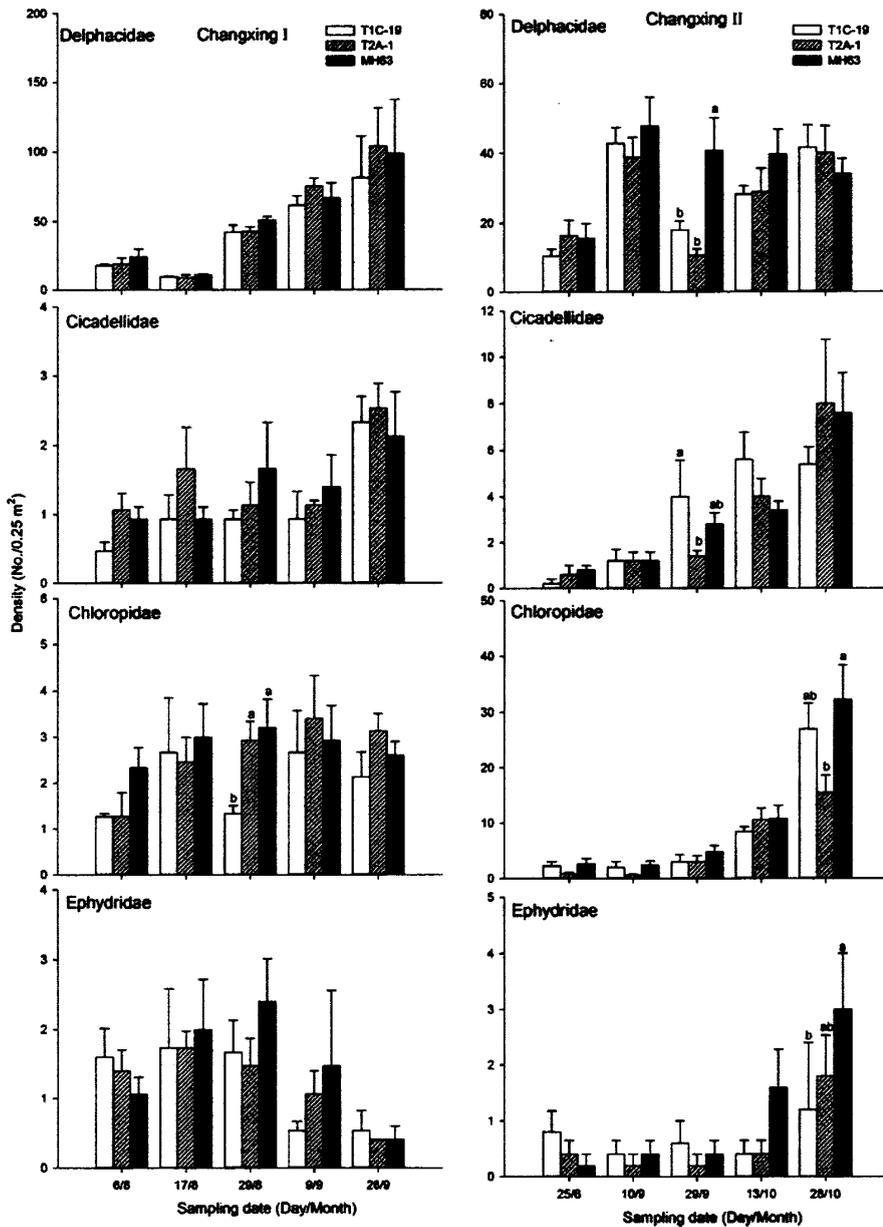


图 4.10 长兴 I 和长兴 II 试验点 2012 年 Bt 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间植食类优势种群密度的时间动态

Fig. 4.10 Temporal dynamics of density of dominant families in herbivores sub-community between Bt (T1C-19 and T2A-1) and non-Bt rice plots (MH63) at Changxing I and Changxing II in 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

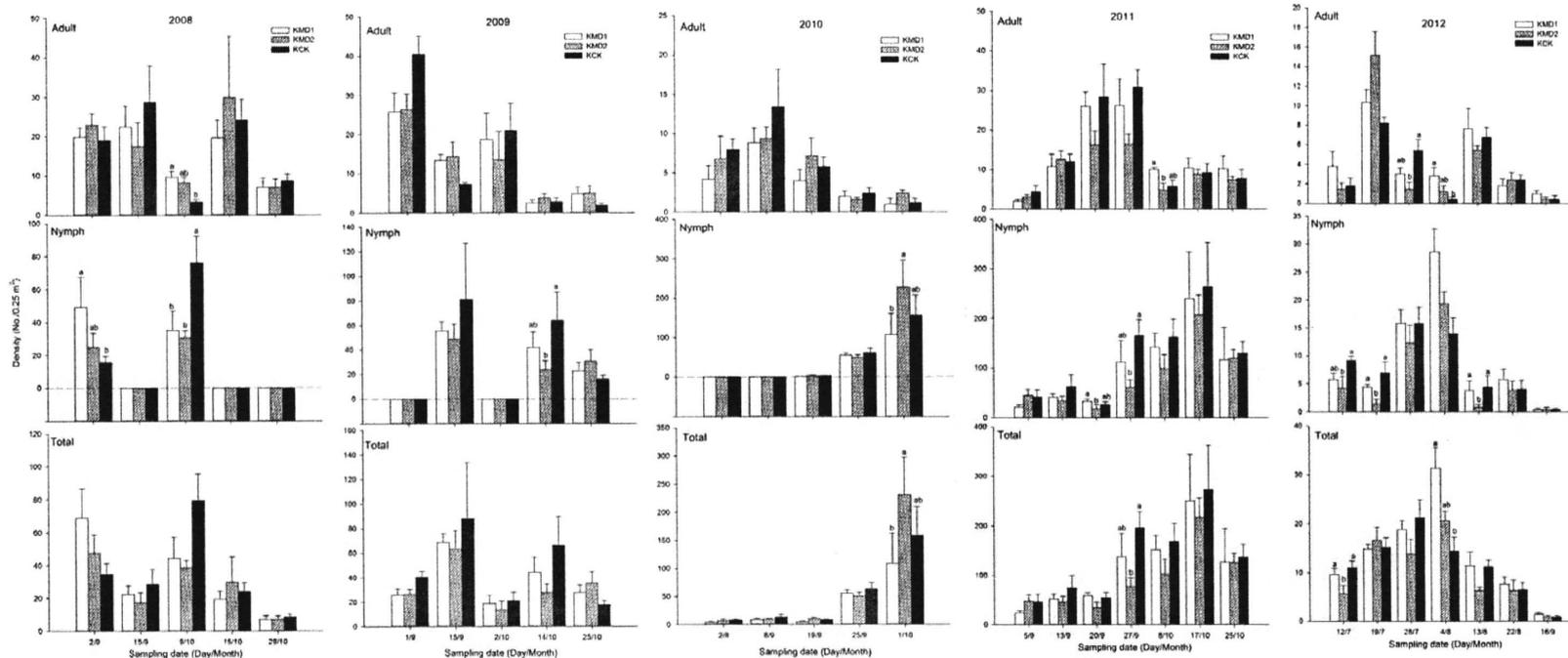


图 4.11 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间白背飞虱成虫、若虫和成若虫总密度的时间动态

Fig.4.11 Temporal dynamics of density of *Sogatella furcifera* adults, nymphs, and their total density between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice plots (KCK) at Hangzhou from 2008 to 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

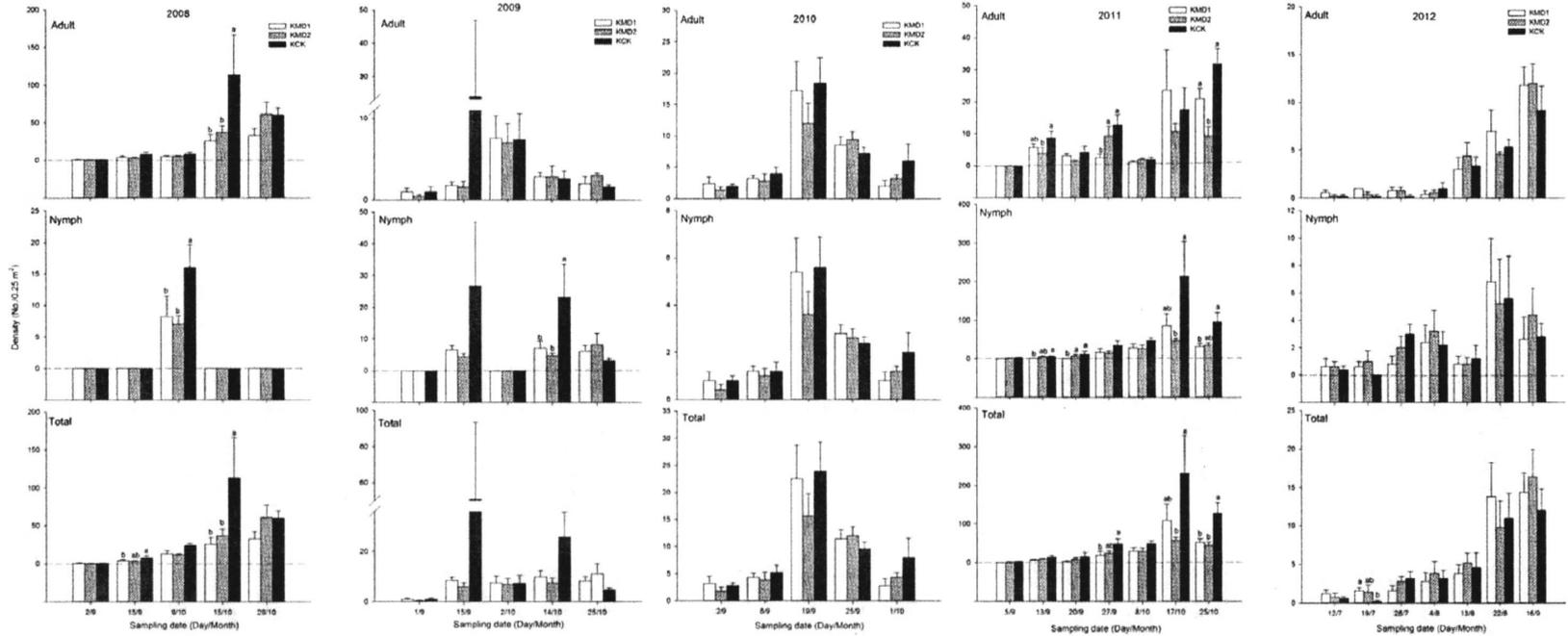


图 4.12 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间褐飞虱成虫、若虫和成若虫总密度的时间动态

Fig.4.12 Temporal dynamics of density of *Nilaparvata lugens* adults, nymphs, and their total density between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice plots (KCK) at Hangzhou from 2008 to 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

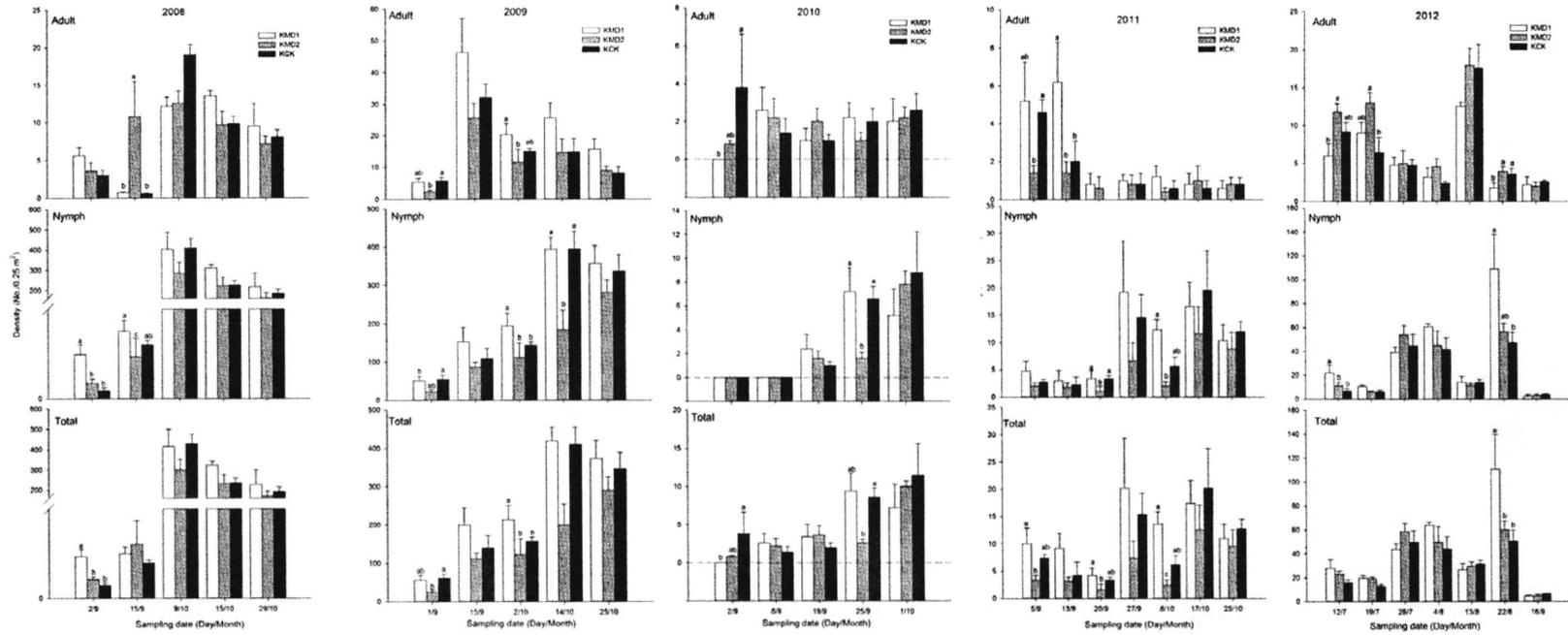


图 4.13 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间黑尾叶蝉成虫、若虫和成若虫总密度的时间动态

Fig.4.13 Temporal dynamics of density of *Nephrotettix cincticeps* adults, nymphs, and their total density between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice plots (KCK) at Hangzhou from 2008 to 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

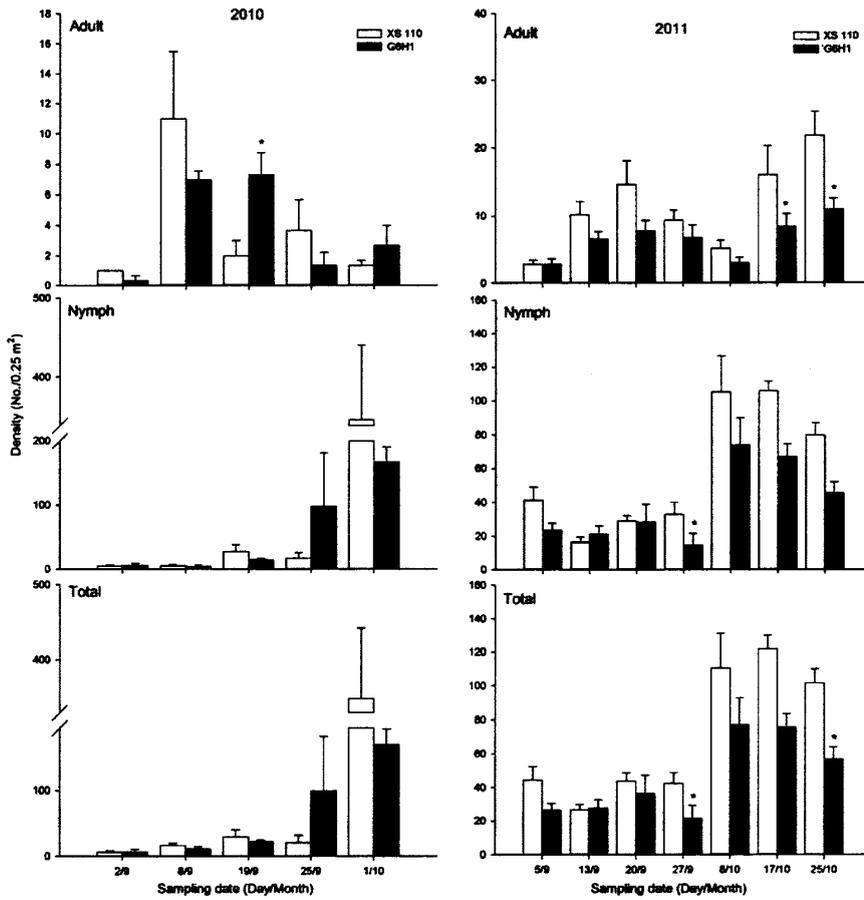


图 4.14 长兴 I 试验点 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间白背飞虱成虫、若虫和成若虫总密度的时间动态

**Fig.4.14 Temporal dynamics of density of *Sogatella furcifera* adults, nymphs, and their total density between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing I at 2010 and 2011. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date is significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .**

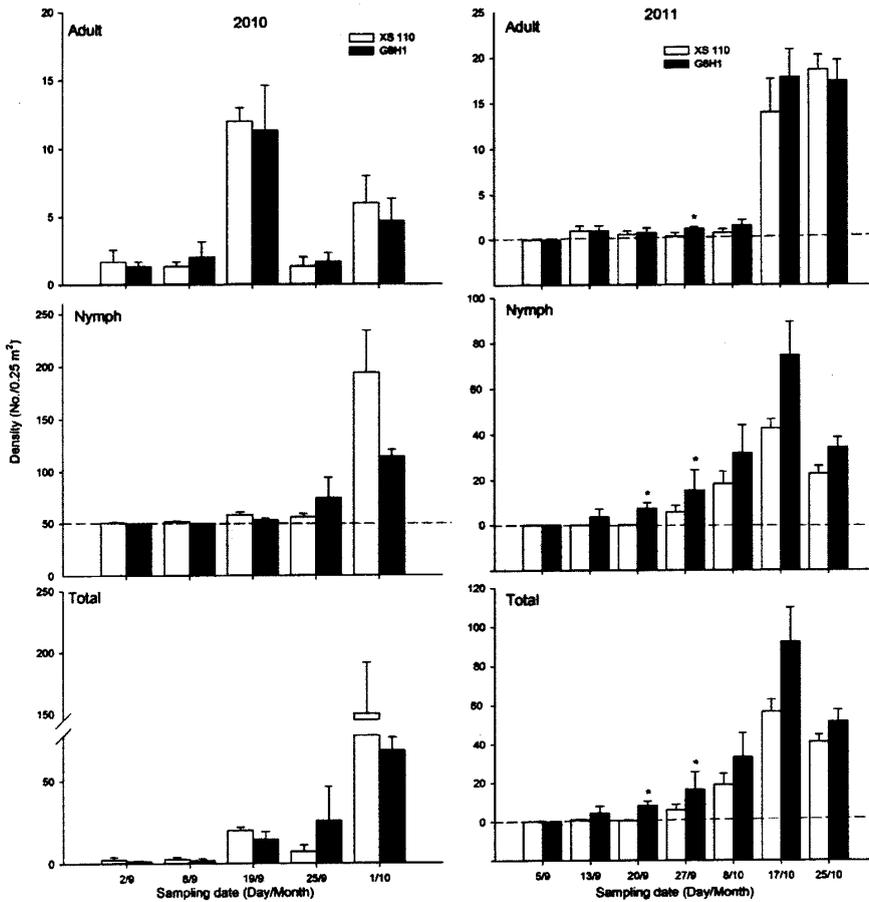


图 4.15 长兴 I 试验点 2010-2011 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间褐飞虱成虫、若虫和成若虫总密度的时间动态

Fig.4.15 Temporal dynamics of density of *Nilaparvata lugens* adults, nymphs, and their total density between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing I in 2010 and 2011. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date is significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .

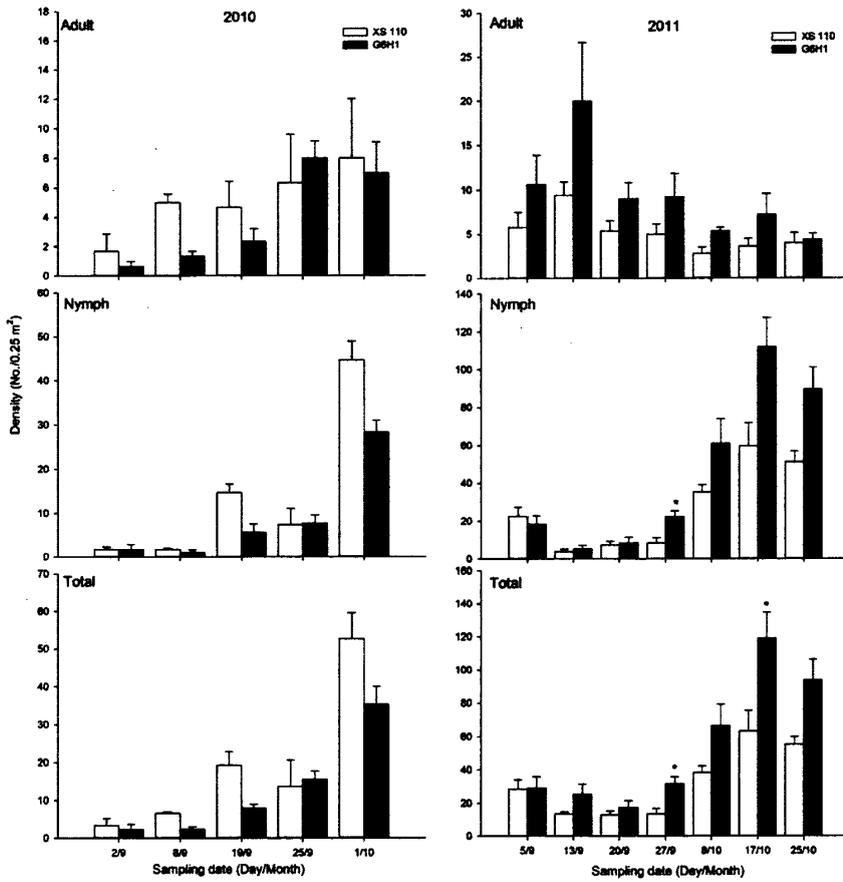


图 4.16 长兴 I 试验点 2010-2011 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间黑尾叶蝉成虫、若虫和成若虫总密度的时间动态

Fig.4.16 Temporal dynamics of density of *Nephrotettix cincticeps* adults, nymphs, and their total density between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing I in 2010 and 2011. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date is significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .

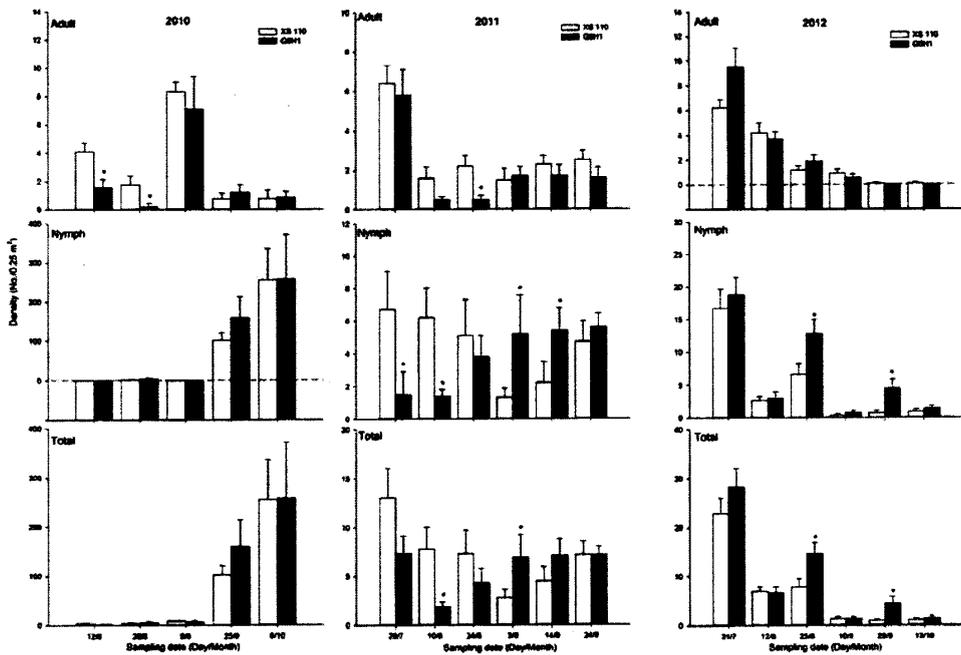


图 4.17 长兴 II 试验点 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间白背飞虱成虫、若虫和成若虫总密度的时间动态

Fig.4.17 Temporal dynamics of density of *Sogatella furcifera* adults, nymphs, and their total density between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing II in 2010, 2011, and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date is significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .

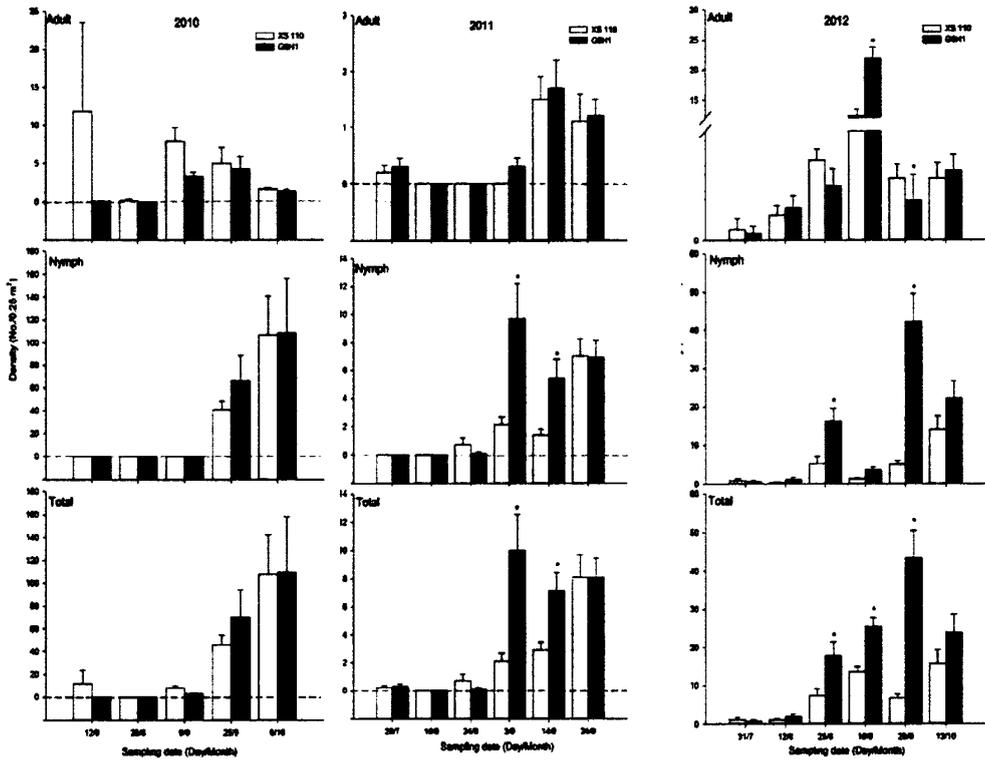


图 4.18 长兴 II 试验点 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间  
褐飞虱成虫、若虫和成若虫总密度的时间动态

Fig.4.18 Temporal dynamics of density of *Nilaparvata lugens* adults, nymphs, and their total density between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing II in 2010, 2011, and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date is significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .

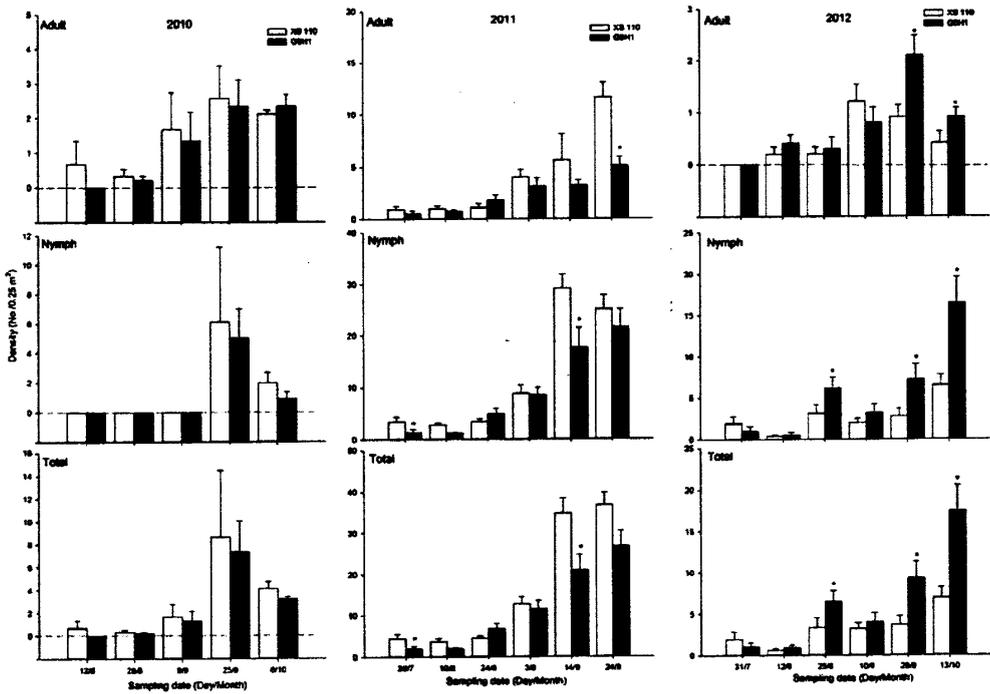


图 4.19 长兴 II 试验点 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间黑尾叶蝉成虫、若虫和成若虫总密度的时间动态

Fig.4.19 Temporal dynamics of density of *Nephrotettix cincticeps* adults, nymphs, and their total density between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing II in 2010, 2011 and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling is are significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ ).

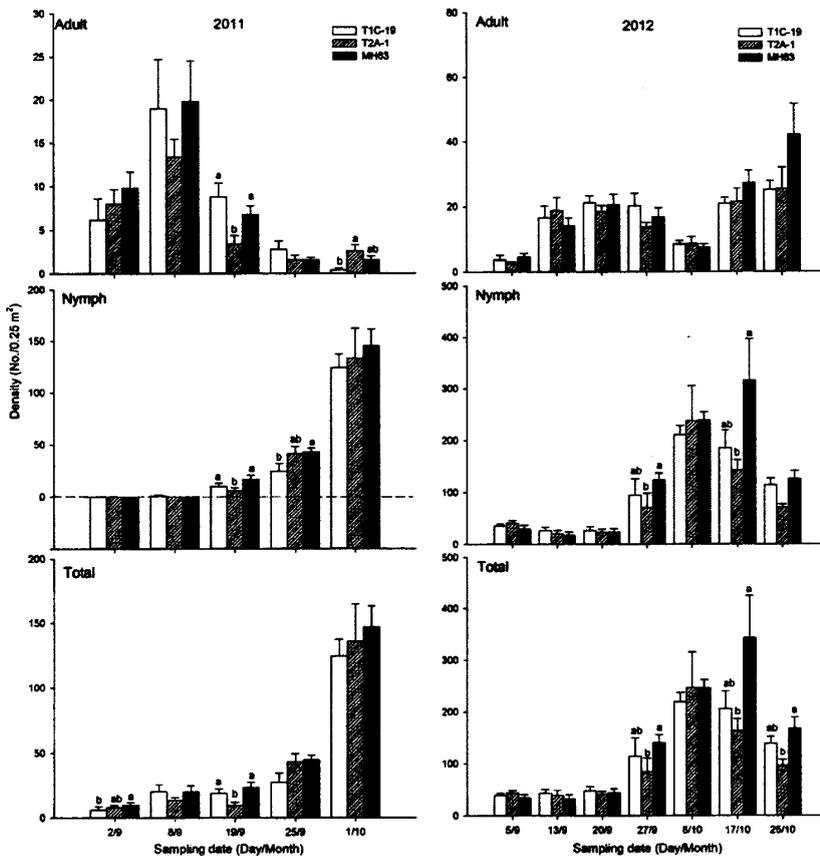


图 4.20 金华试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间白背成虫、若虫和成若虫总密度的时间动态

Fig.4.20 Temporal dynamics of density of *Sogatella furcifera* adults, nymphs, and their total density between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Jinhua in 2011 and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

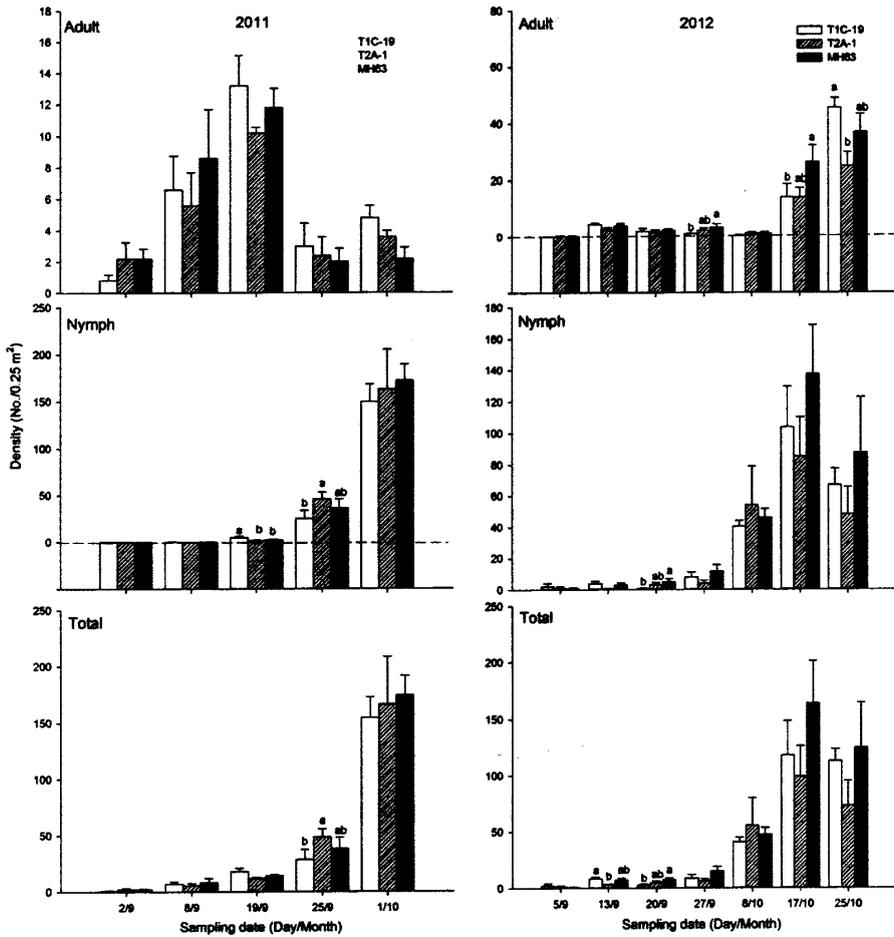


图 4.21 金华试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间  
褐飞虱成虫、若虫和成若虫总密度的时间动态

Fig.4.21 Temporal dynamics of density of *Nilaparvata lugens* adults, nymphs, and their total density between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Jinhua in 2011 and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

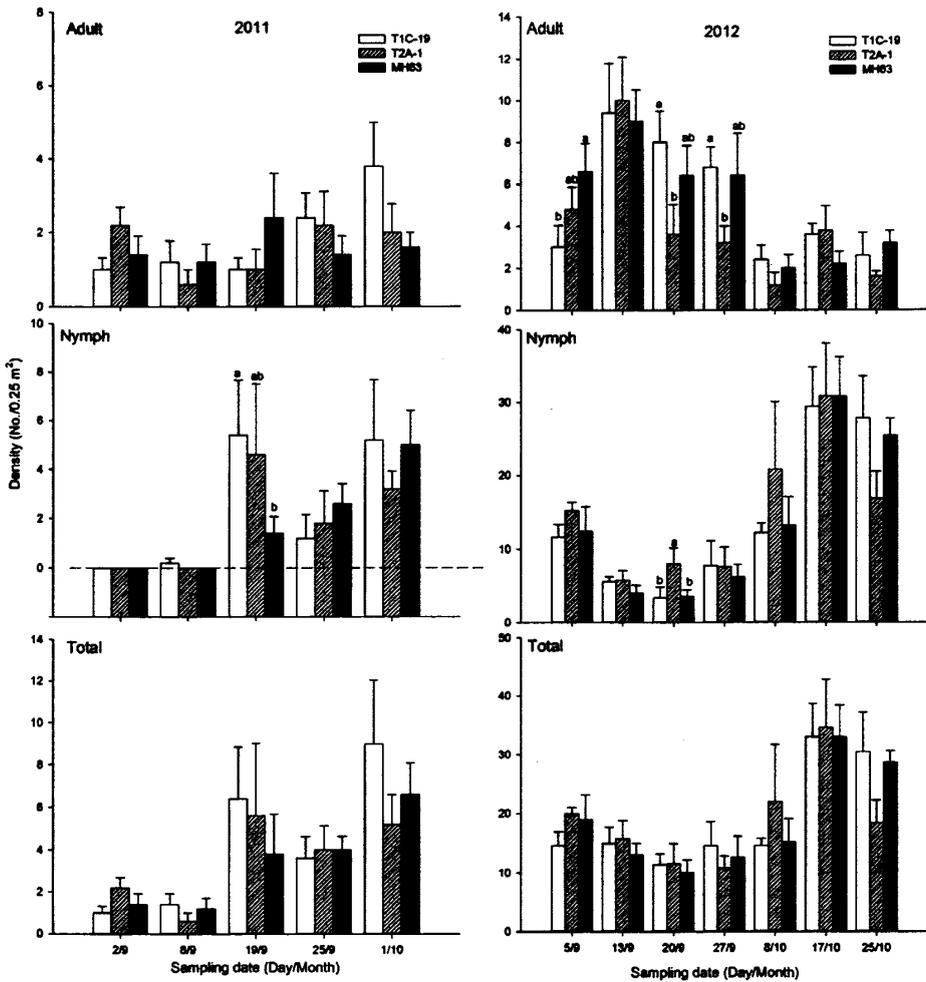


图 4.22 金华试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间黑尾叶蝉成虫、若虫和成若虫总密度的时间动态

Fig.4.22 Temporal dynamics of density of *Nephrotettix cincticeps* adults, nymphs, and their total density between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Jinhua in 2011 and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

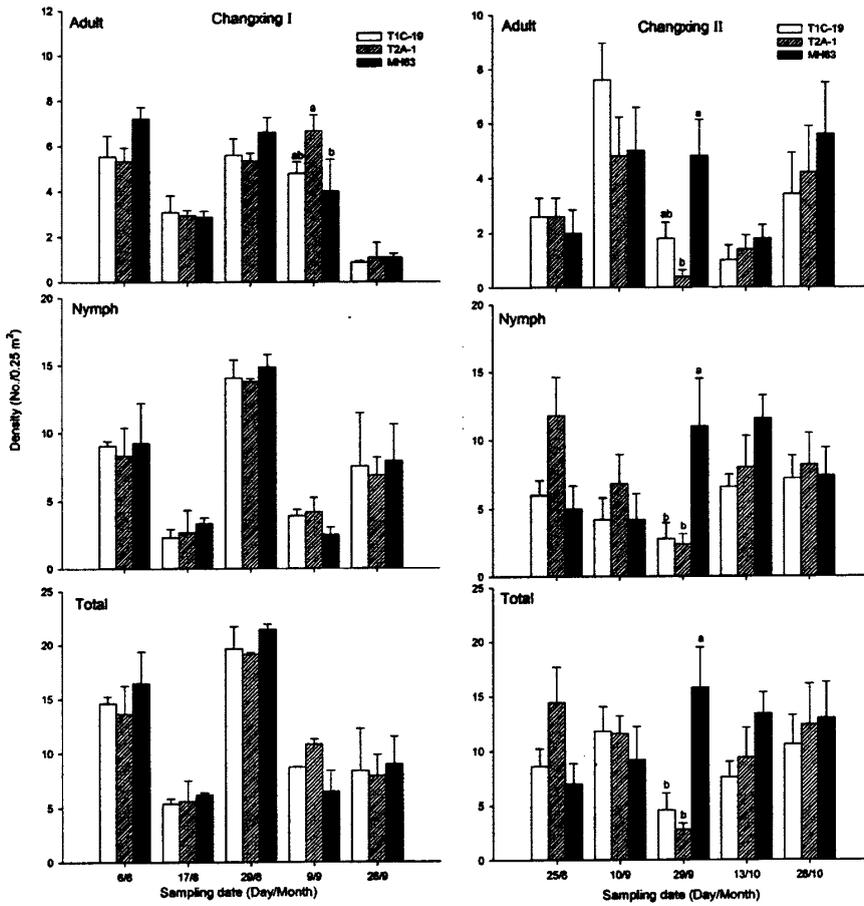


图 4.23 长兴 I 和长兴 II 试验点 2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间白背飞虱成虫、若虫和成若虫总密度的时间动态

Fig.4.23 Temporal dynamics of density of *Sogatella furcifera* adults, nymphs, and their total density between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Changxing I and Changxing II in 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

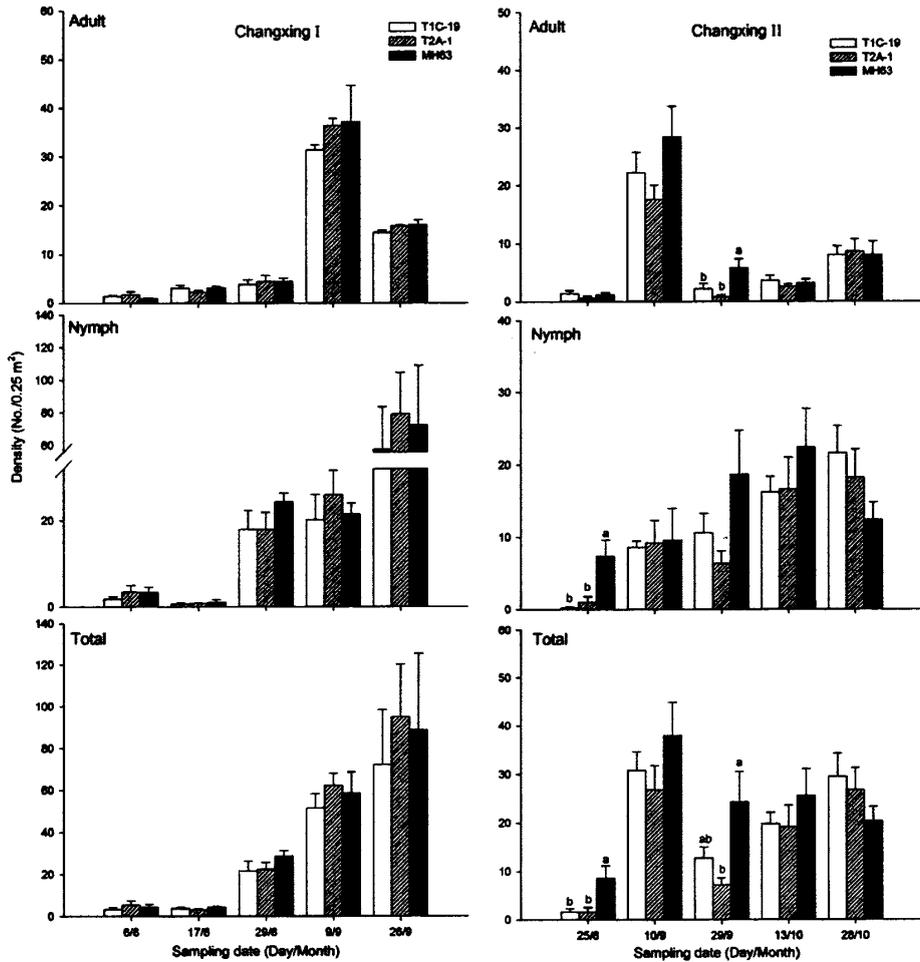


图 4.24 长兴 I 和长兴 II 试验点 2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间褐飞虱成虫、若虫和成若虫总密度的时间动态

Fig.4.24 Temporal dynamics of density of *Nilaparvata lugens* adults, nymphs, and their total density between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Changxing I and Changxing II in 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

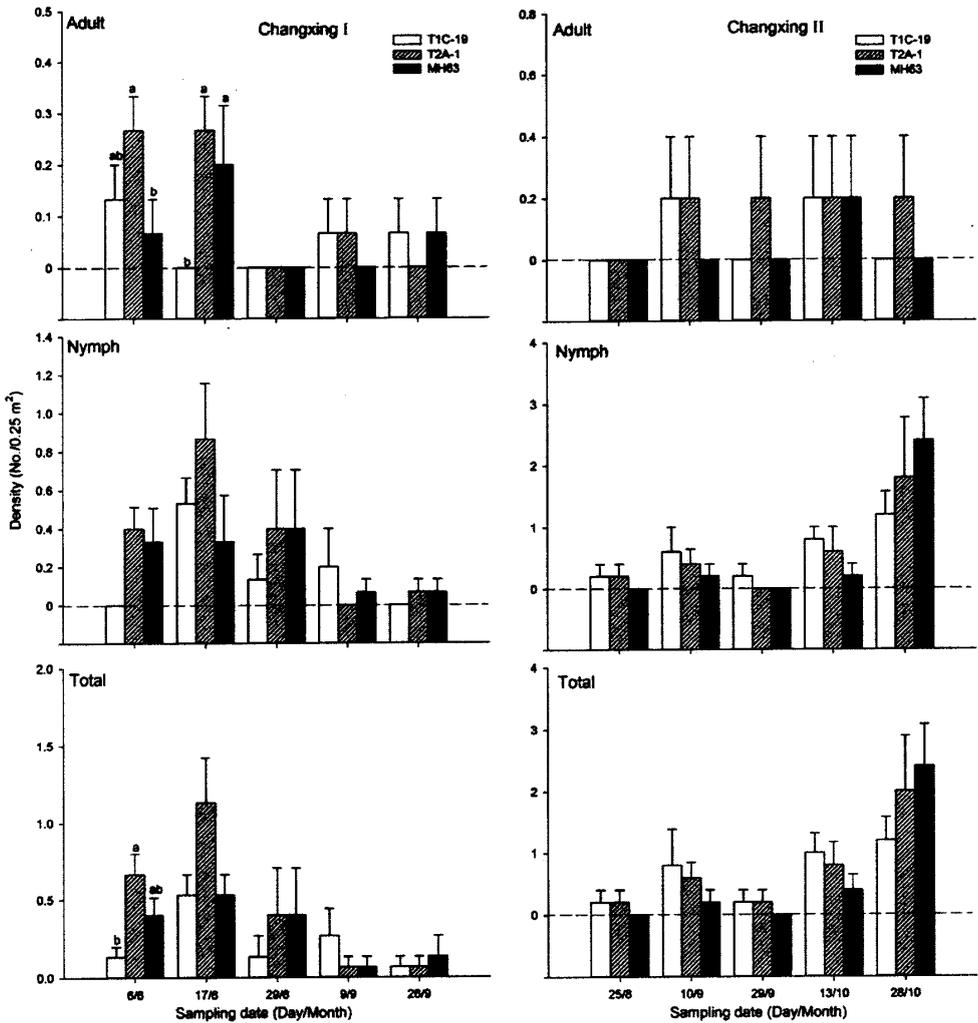


图 4.25 长兴 I 和长兴 II 试验点 2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间黑尾叶蝉成虫、若虫和成若虫总密度的时间动态

Fig.4.25 Temporal dynamics of density of *Nephrotettix cincticeps* adults, nymphs, and their total density between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Changxing I and Changxing II in 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

## 第五章 四类转基因抗虫水稻对寄生性昆虫亚群落及其 优势类群数量动态的影响

寄生性昆虫是稻田生态系统中主要的自然天敌类群之一,它在压制害虫种群数量的增长上起着重要的生态作用。根据记载,我国已知水稻害虫的寄生性天敌为 419 种,占已知 1303 种天敌的 32.16%。寄生性天敌主要隶属于膜翅目、双翅目和捻翅目,其中膜翅目为 21 科 345 种,占种总数的 82.34%;双翅目(寄生蝇)次之,为 69 种,占 16.47%;捻翅目最少,为 2 科 5 种,占 1.19% (程家安和何俊华 1996)。寄生性昆虫主要以稻田生态系统中的优势类群鳞翅目昆虫的卵、幼虫和蛹、飞虱和叶蝉以及半翅目昆虫的卵为寄主,同时寄生性天敌还存在重寄生的类群。*Bt* 水稻对寄生性天敌的影响主要有三个方面:第一,*Bt* 水稻对鳞翅目害虫有直接的毒杀作用,导致寄生性天敌或者重寄生天敌不能在寄主体内完成发育,寄生性天敌的生长发育和繁殖等生物学参数受到影响。当二化螟绒茧蜂寄生对 *Cry1Ab* 蛋白或 *Cry1Ab/CpTI* 敏感的二化螟幼虫时,它的寄生率、结茧率、蜂蛹历期、雄蜂寿命以及茧的长度都与对照有显著差异(姜永厚等. 2004, 姜永厚等. 2005);第二,*Bt* 水稻对非靶标害虫如飞虱和叶蝉具有胁迫作用,导致以这些害虫为猎物的寄生性昆虫的生物学参数受到影响,然而 *Bt* 蛋白对飞虱和叶蝉没有直接的毒性作用,因此对寄生性天敌基本上没有负面影响,当褐飞虱的卵优势寄生蜂-稻虱缨小蜂寄生对 *Cry1Ab* 蛋白不敏感的褐飞虱时,虽然可以在刚羽化的寄生蜂体内检测到 *Bt* 蛋白,但是寄生蜂的生殖力、成虫的寿命以及性比并没有受到转基因抗虫水稻 *KMD1* 和 *KMD2* 的影响(Gao et al. 2010);第三,*Bt* 基因插入到植物基因组中,可能引起一些非预期的变化,导致对寄生蜂起到引诱的化学物质变化。虽然有研究表明同没被害虫为害的 *Bt* 棉花和对照相比,赤眼蜂 (*Trichogramma pretiosum*) 对害虫为害的 *Bt* 棉花和对照具有强烈的趋向性,但是赤眼蜂对都被害虫为害的 *Bt* 棉花和对照却没有表现出差异(Moraes et al. 2011),而且对两种寄生蜂 (*Cotesia marginiventris* 和 *Microplitis rufiventris*) 在 *Bt* 玉米及对照品种的研究,也得出相似的结果(Turlings et al. 2005),然而 Desneux 等的研究结果却说明相比较为害对照玉米的幼虫粪便,寄生蜂 (*C. marginiventris*) 对取食 *Bt* 玉米的草地贪夜蛾 (*Spodoptera frugiperda*) 幼虫的粪便的反映比较弱,这可能的原因是 *Bt* 蛋白对这种夜蛾幼虫肠道内的细菌群落有影响,导致细菌产生吸引寄生蜂的气味减少(Desneux et al. 2010)。Romeis 等通过对 10 个研究的总结发现,当以对 *Bt* 蛋白敏感的鳞翅目昆虫为寄主时,寄生蜂的死亡率、发育、体内和寿命都受到影响,当以对 *Bt* 蛋白产生抗性作用的害虫为寄主时,这些参数并没有受到影响(Romeis et al. 2006)。因此,*Bt* 水稻种植之后对寄生性昆虫的潜在影响是多方面的,我们通过田间条件下的调查来研究 *Bt* 水稻和对照之间寄生性

天敌亚群落是如何响应这一变化的。

## 1 材料和方法

供试材料和方法见第二章

## 2 结果

### 2.1 寄生性昆虫亚群落类群的组成及其优势度

#### 2.1.1 转 *cry1Ab* 基因粳稻

转基因粳稻 KMD1 和 KMD2 及对照田的寄生性昆虫亚群落的组成及其优势度见图 5.1, 寄生性昆虫包括双翅目 (Diptera) 的寄蝇科 (Tachinidae)、头蝇科 (Pipunculidae) 以及膜翅目 (Hymenoptera) 的姬蜂科 (Ichneumonidae)、茧蜂科 (Braconidae)、螫蜂科 (Dryinidae)、肿腿蜂科 (Bethyidae)、环腹瘦蜂科 (Figitidae)、赤眼蜂科 (Trichogrammatidae)、缨小蜂科 (Mymaridae)、姬小蜂科 (Eulophidae)、金小蜂科 (Pteromalidae)、跳小蜂科 (Encyrtidae)、广肩小蜂科 (Eurytomidae)、小蜂科 (Chalcididae)、锤角细蜂科 (Diapriidae)、缘腹细缝科 (Scelionidae) 和分盾细缝科 (Ceraphronidae) 等。其中的优势类群随着年度的变化有所不同, 主要是茧蜂科, 或者姬蜂科、赤眼蜂科、缨小蜂科、姬小蜂科、金小蜂科、跳小蜂或锤角细蜂科中的两种。其中 2008 年的优势类群主要是茧蜂科、赤眼蜂科和跳小蜂科, 三者分别在 KMD1、KMD2 和对照中所占的比例分别是 6.67%、17.02%、32.65%, 13.33%、17.02%、10.20% 以及 20.00%、17.02% 和 14.29%; 2009 年的优势类群是茧蜂科、赤眼蜂科和金小蜂科, 三者所占比例分别是 18.18%、17.14%、32.29%, 10.61%、8.57%、6.25% 以及 25.76%、20.00% 和 29.17%; 2010 年的优势类群是茧蜂科、赤眼蜂科和锤角细蜂, 比例分别是 11.83%、13.68%、17.54%, 12.90%、7.37%、11.40% 以及 25.81%、44.21% 和 31.58%; 2011 年的优势类群是茧蜂科、缨小蜂和跳小蜂, 比例分别是 14.75%、15.22%、7.50%, 25.14%、14.49%、32.00% 以及 6.56%、22.46% 和 11.50%; 2012 年的优势类群是姬蜂科、茧蜂科和姬小蜂科, 比例分别是 20.73%、27.17%、32.63%, 13.41%、21.74%、11.58% 以及 15.85%、6.52%、10.53%。

#### 2.1.2 转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻

转基因粳稻 G6H1 及对照田的寄生性昆虫亚群落的类群组成及其优势度见图 5.2 和 5.3, 寄生性昆虫亚群落类群的组成与转基因粳稻 KMD 相似。其中优势类群所占的比例随年代和

地点的不同有所不同, 优势类中主要是茧蜂科, 或者赤眼蜂科、繸小蜂科、金小蜂科和锤角细蜂科中的两类。长兴 I 试验点中两年的优势类群主要是茧蜂科、赤眼蜂科和金小蜂科, XS110 和 G6H1 田间所占的比例 2010 年分别是 39.51%、11.63%、16.05%、25.58% 以及 14.81% 和 9.30%; 2011 年的比例分别是 14.88%、5.98%、16.67%、22.28% 以及 15.48% 和 10.33%。长兴 II 试验点中, 2010 年的优势类群是茧蜂科、繸小蜂科和金小蜂科, 比例为 20.39%、11.11%、25.24%、37.04% 以及 16.50% 和 8.33%; 2011 年的优势类群是茧蜂科、赤眼蜂科和锤角细蜂科, 比例分别是 24.73%、11.76%、33.87%、38.82% 以及 8.06% 和 4.12%; 2012 年的优势类群是茧蜂科、金小蜂科和锤角细蜂科, 比例分别是 24.08%、8.04%、26.70%、25.00% 以及 10.99% 和 16.07%。

### 2.1.3 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻

转基因籼稻 T1C-19 和 T2A-1 及对对照田的寄生性昆虫亚群落类群的组成及其优势度见图 5.4 和 5.5, 寄生性昆虫亚群落类群的组成与转基因粳稻 KMD 相似。其中优势类群所占的比例随年代和地点的不同有所不同, 优势类中主要是茧蜂科, 或者姬蜂科、繸小蜂科、姬小蜂科、金小蜂科和锤角细蜂科中的两类。金华试验点中, 2011 年的优势类群主要是茧蜂科、姬小蜂科和锤角细蜂科, 三者 T1C-19、T2A-1 以及对对照田所占的比例分别是 23.08%、17.31%、34.95%、12.31%、11.54%、22.33% 以及 18.46%、36.54% 和 4.85%; 2012 年的优势类群主要是茧蜂科、繸小蜂和金小蜂, 比例分别是 8.52%、15.57%、12.77%、30.68%、24.55%、20.74% 以及 10.80%、11.98% 和 22.87%。2012 年, 长兴 I 试验点的优势类群是茧蜂科、金小蜂科和锤角细蜂科, 比例分别是 18.70%、12.77%、23.62%、15.45%、16.31%、14.07% 以及 20.33%、26.24% 和 21.11%; 长兴 II 试验点的优势类群是姬蜂科、茧蜂科和金小蜂科, 比例分别是 12.96%、13.21%、10.91%; 16.67%、20.75%、27.27% 以及 22.22%、35.85% 和 31.82%。

## 2.2 常见优势种群类群密度的时间动态

### 2.2.1 转 *cry1Ab* 基因粳稻

转基因粳稻 KMD1 和 KMD2 及对对照田的寄生蜂优势类群密度的时间动态见图 5.6, 从结果来看, 除少数几个取样时间存在差异之外, 总的趋势还是基本一致的。其中茧蜂类的密度多以转基因稻田为低, 其他的几类优势类群在转基因田和对照田之间没有显著的差异。

### 2.2.2 转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻

转基因粳稻 G6H1 及对照田的寄生蜂优势类群密度的时间动态见图 5.7 和 5.8, 从结果来看, 除少数几个取样时间存在差异之外, 总的趋势还是基本一致的。其中茧蜂类的密度多以转基因稻田为低, 其他的几类优势类群在转基因田和对照田之间没有显著的差异。

### 2.2.3 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻

转基因籼稻 T1C-19 和 T2A-1 及对照田的寄生蜂优势类群密度的时间动态见图 5.9 和 5.10, 从结果来看, 除少数几个取样时间存在差异之外, 总的趋势还是基本一致的。其中茧蜂类的密度多以转基因稻田为低, 其他的几类优势类群在转基因田和对照田之间没有显著的差异。

## 3 讨论

本章研究结果表明, *Bt* 水稻田的寄生性天敌亚群落的组成与对照基本相似, 大多数情况下, *Bt* 水稻田寄生性天敌的总密度和优势度低于对照, 但是没有显著差异, 少数情况下, *Bt* 水稻和对照之间的密度存在差异。寄生性天敌优势类群的组成根据地点、年代和水稻品种的不同主要是茧蜂科或金小蜂科、姬蜂科、跳小蜂科、锤角细蜂科、缨小蜂科中的两类。对优势类群的密度及其时间动态的研究表明, 除 *Bt* 水稻田的茧蜂科的密度显著低于对照之外, 其他两类的优势类群密度及其时间动态在 *Bt* 水稻和对照之间基本相同或者一致。

我们的调查结果同田俊策等 2008 年的研究结果基本一致(田俊策等. 2008), 寄生性天敌的种群数量在 *Bt* 水稻田和对照之间存在不同, 主要是有三个方面原因导致的: 第一, 鳞翅目害虫是 *Bt* 蛋白的作用靶标昆虫, 当它们的种群数量受到 *Bt* 水稻的严重抑制, 那么以这些鳞翅目害虫为寄主的天敌必然也随之减少, 本章研究中茧蜂科的主要寄主时鳞翅目的幼虫和蛹, 所以寄主的减少导致相应的寄生蜂的发育、体重以及寿命受到影响、死亡率增高, 种群数量减少; 第二, 近年来随着个体小、繁殖力高的飞虱科昆虫成为稻田生态系统中节肢动物群落的重要类群, 那么, 以飞虱和叶蝉为寄主的寄生性天敌类群也随之增长, 缨小蜂科和赤眼蜂科在个别情况下成为优势类群, 但是 *Bt* 蛋白的主要作用靶标是鳞翅目的害虫, 因此对飞虱和叶蝉的影响比较小。Gao 等发现在 11 个世代的研究中, 以取食 *Bt* 水稻的褐飞虱为寄主的稻虱缨小蜂成虫的生殖力、寿命和性比与对照相比没有什么不同(Gao et al. 2010), 田间的调查也说明 *Bt* 水稻和对照之间的稻飞虱平均每分蘖卵量、卵孵化率、卵被捕食率和卵被捕寄生率的趋势基本一致, 没有显著差异(高明清等. 2011)。第三, *Bt* 基因插入到植物基因组

中,可能引起一些非预期的变化,可能导致对寄生蜂起到引诱的化学物质的变化。有研究结果表明,同没有被害虫为害的 *Bt* 棉花和对照相比,赤眼蜂 (*Trichogramma pretiosum*) 对害虫为害的 *Bt* 棉花和对照具有强烈的趋向性,但是赤眼蜂对都被害虫为害的 *Bt* 棉花和对照却没有表现出差异(Moraes et al. 2011),相似的结果也在两种寄生蜂 (*Cotesia marginiventris* 和 *Microplitis rufiventris*) 对 *Bt* 玉米和对照的反映得到验证(Turlings et al. 2005),然而另一个研究却说明寄生蜂 (*C. marginiventris*) 对取食 *Bt* 玉米的草地贪夜蛾 (*S. frugiperda*) 幼虫的粪便的反映比较弱,可能与 *Bt* 蛋白对这种夜蛾幼虫肠道内的细菌群落有影响,导致细菌产生吸引寄生蜂的气味减少(Desneux et al. 2010)。

Romeis 等通过对 10 个研究的总结发现,当以对 *Bt* 蛋白敏感的鳞翅目昆虫为寄主时,寄生蜂的死亡率、发育、体内和寿命都受到影响(Romeis et al. 2006)。近年来为了克服这种由于猎物质量所导致的对寄生性天敌的负面影响,采用对 *Bt* 蛋白有抗性的害虫作为寄主可以克服这种不足,以对 *Bt* 蛋白已经产生抗性的小菜蛾为寄主时,菜蛾绒茧蜂可以在抗性寄主上完成发育,寄生率、从寄主植物上羽化出来的时间,成虫羽化的时间以及茧的成虫率、雌性后代的重量等指标在抗性寄主和对照之间没有差异(Schuler et al. 2003, Schuler et al. 2004),同样的结果也在岛弯尾姬蜂的实验中得到确认(Chen et al. 2008, Liu et al. 2011)。

总之, *Bt* 水稻对寄生性天敌的影响是多方面的,田间调查的结果只是反映的一个方面,在田间复杂的环境条件下,寄生性天敌种群的变化受到多方面因素的影响。另外,目前为止对 *Bt* 水稻产生抗性的害虫还未见报道,所以采用抗性昆虫评价对寄生性天敌影响的研究还是比较少的,今后应该通过室内和田间条件的结合来综合评价 *Bt* 水稻对寄生性天敌的影响。

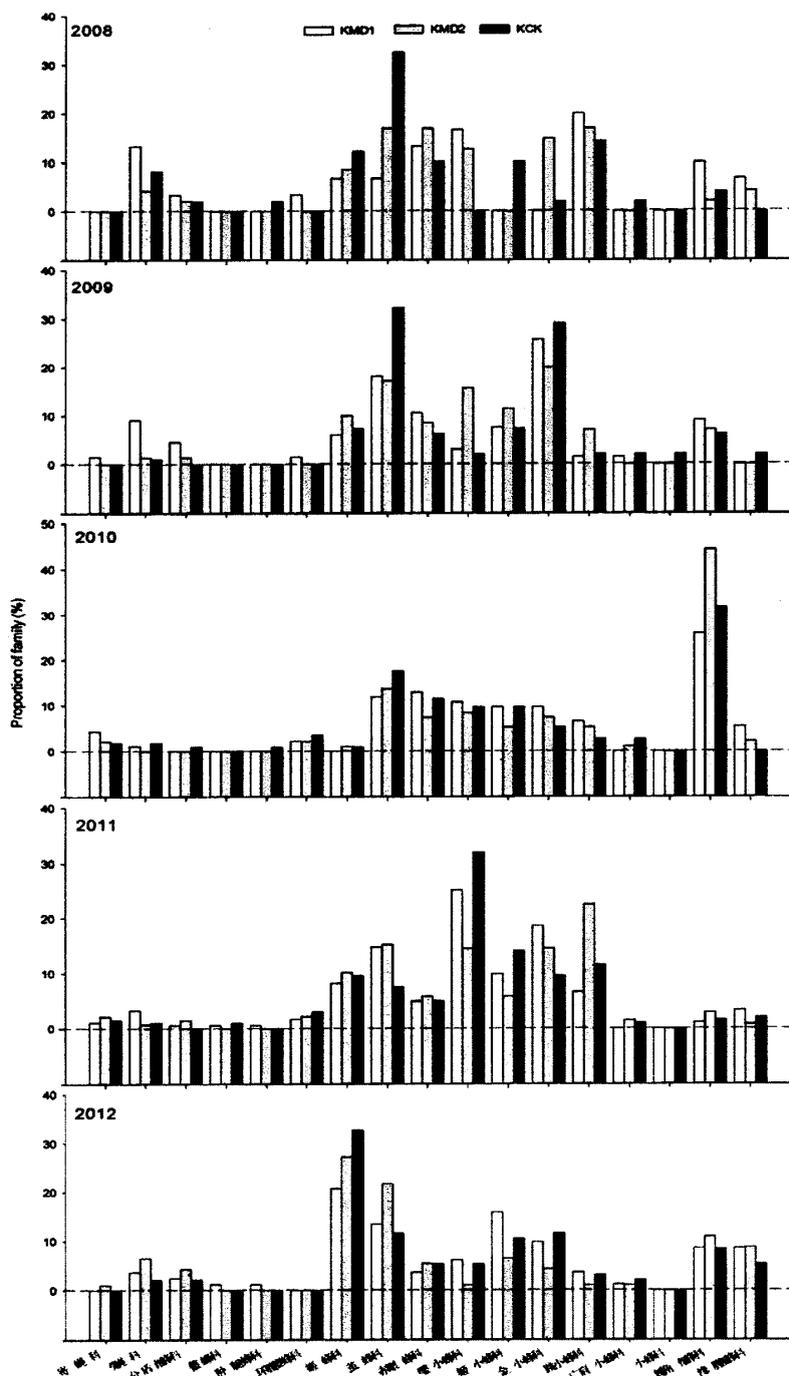


图 5.1 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 寄生性昆虫亚群落的组成及其优势度的分布  
 Fig.5.1 Composition of parasitoids sub-communities and their proportion between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice (KCK) at Hangzhou from 2008 to 2012

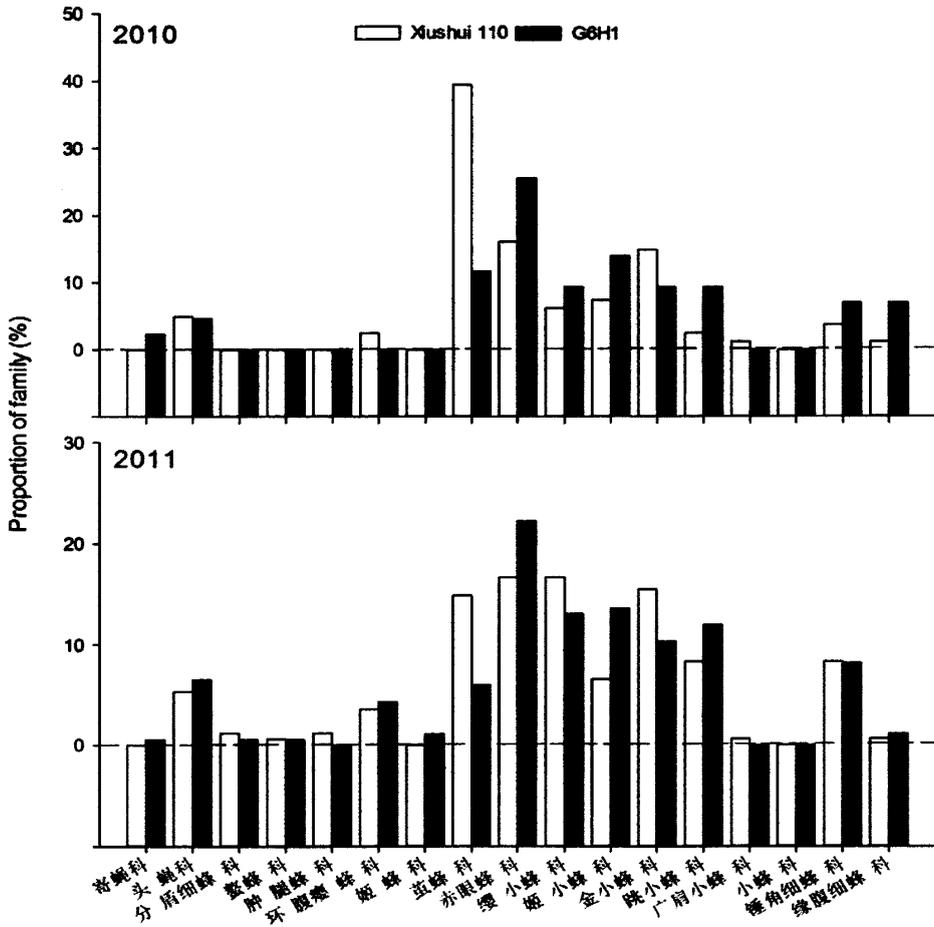


图 5.2 长兴 I 试验点 2010-2011 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (Xishui110) 之间寄生性昆虫亚群落类群的组成及其优势度

Fig.5.2 Composition of parasitoids sub-communities and their proportion between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (Xishui110) at Changxing I in 2010 and 2011

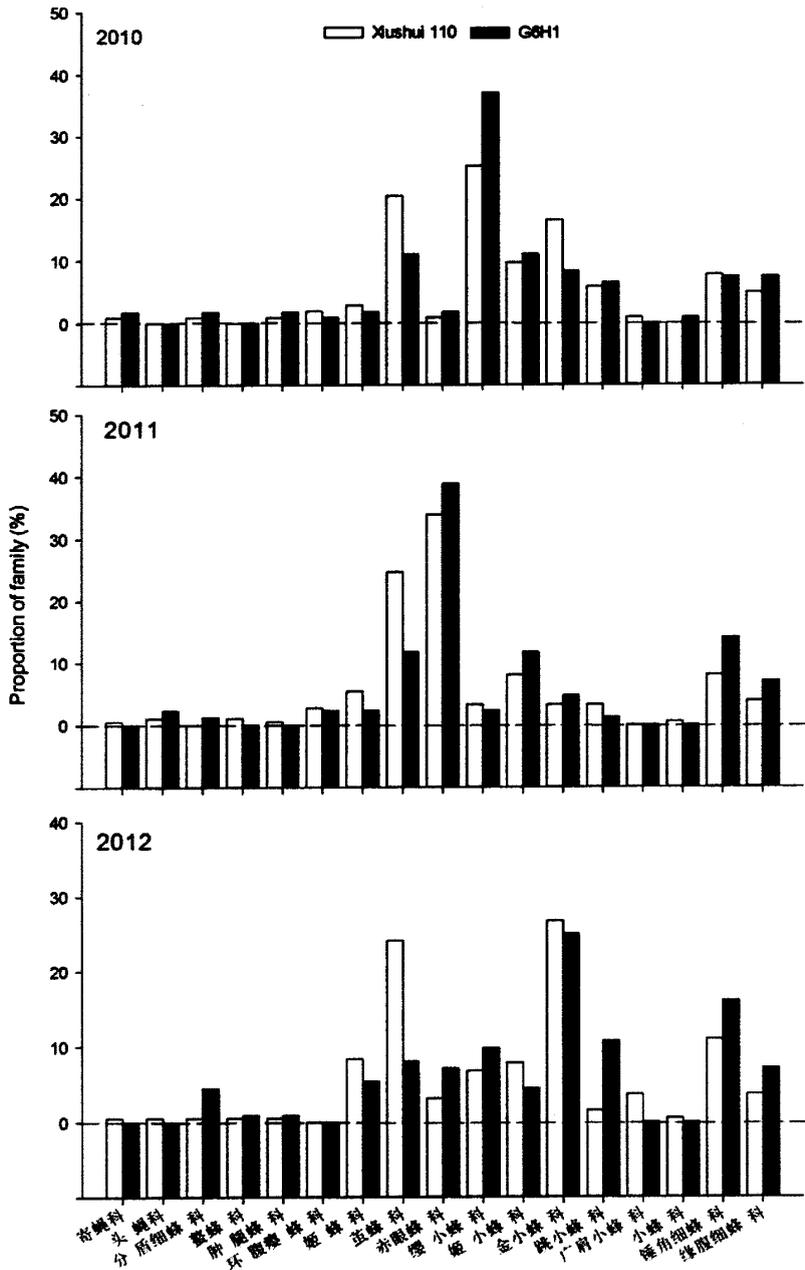


图 5.3 长兴 II 试验点 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (Xushui110) 之间寄生性昆虫亚群落类群的组成及其优势度

Fig.5.3 Composition of parasitoids sub-communities and their proportion between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (Xushui110) at Changxing II in 2010, 2011, and 2012

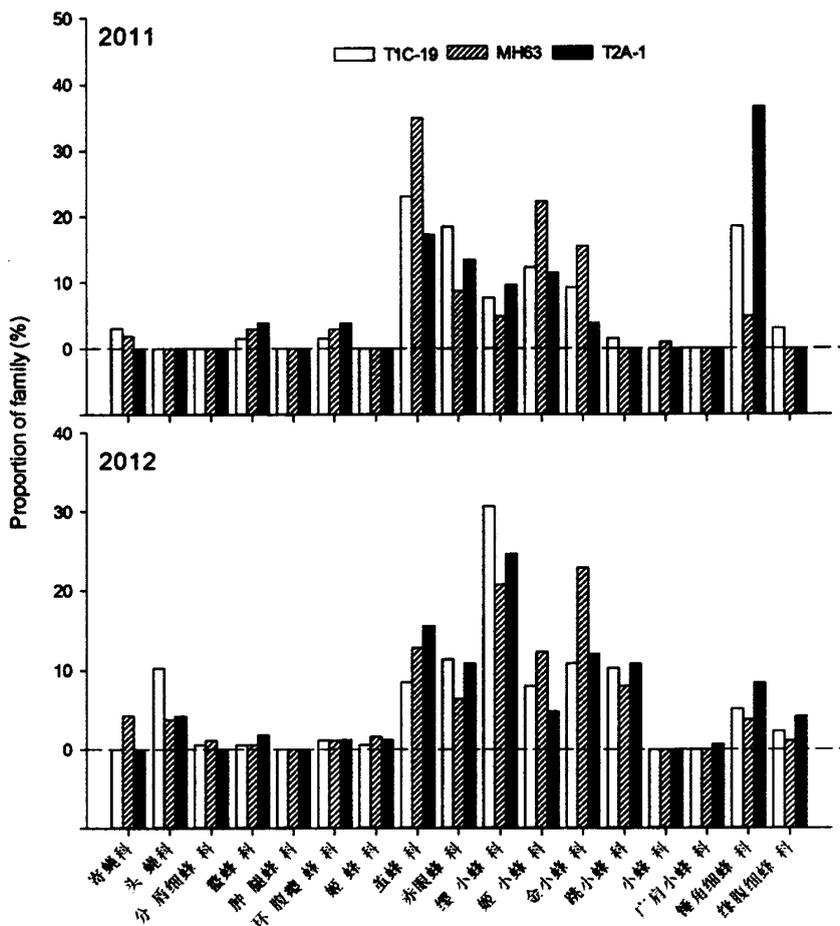


图 5.4 金华试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间寄生性昆虫亚群落类群的组成及其优势度

Fig.5.4 Composition of parasitoids sub-communities and their proportion between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) at Jinhua in 2011 and 2012

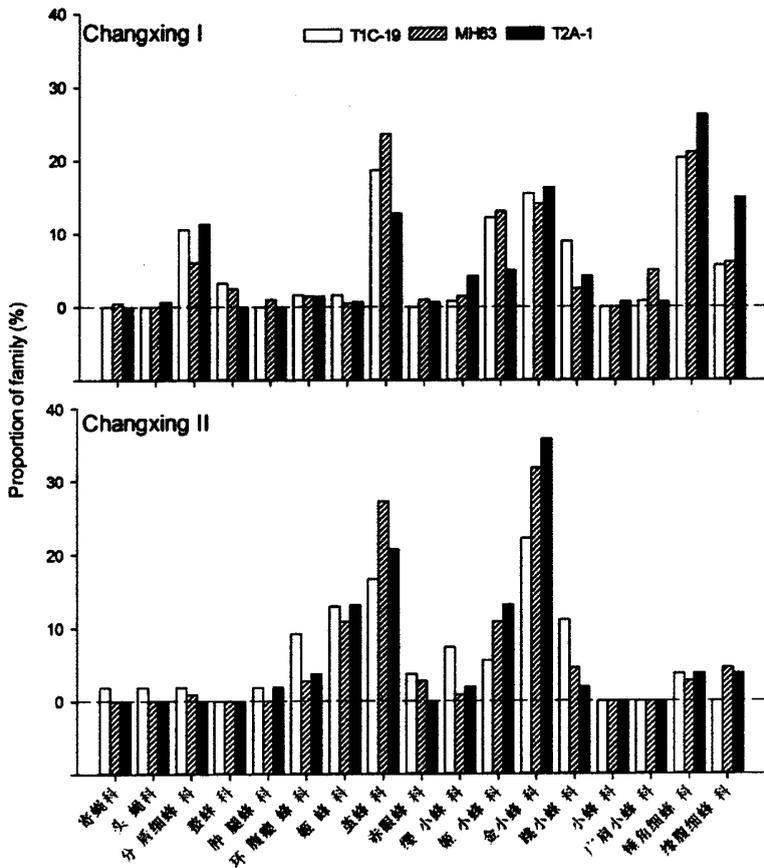


图 5.5 长兴 I 和长兴 II 试验点 2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间寄生性昆虫亚群落类群的组成及其优势度

Fig.5.5 Composition of parasitoids sub-communities and their proportion between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) at Changxing I and Changxing II in 2012

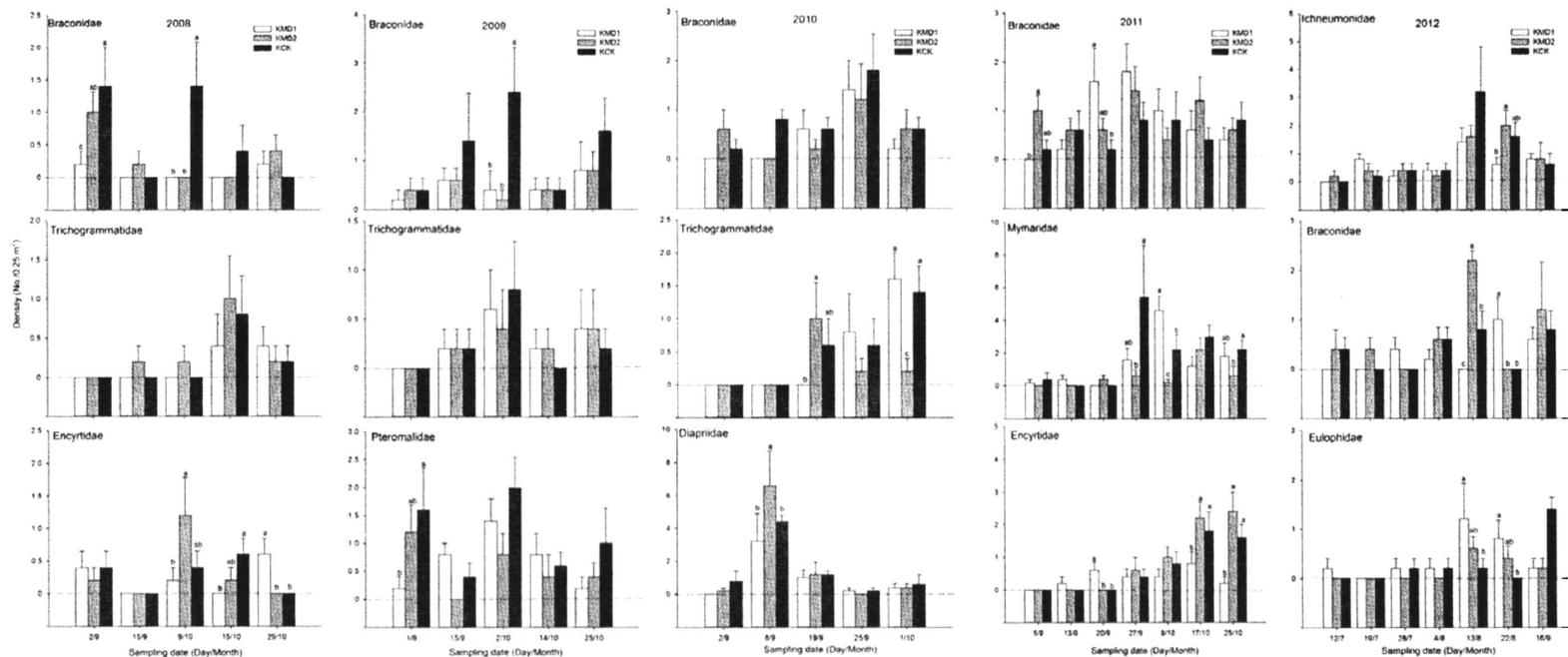


图 5.6 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间寄生性昆虫优势类群密度的时间动态

Fig.5.6 Temporal dynamics of density of dominant families in parasitoids sub-community between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice plots (KCK) at Hangzhou from 2008 to 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling date are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

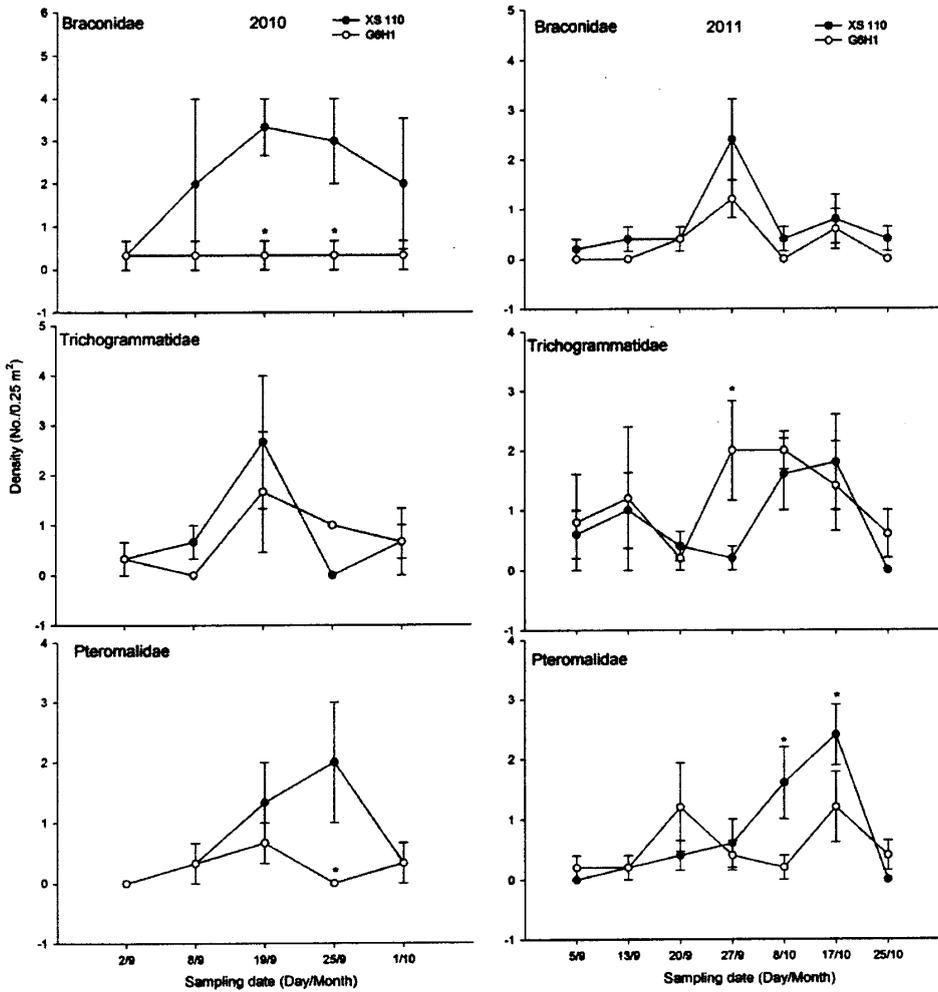


图 5.7 长兴 I 试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间寄生性昆虫优势类群密度的时间动态

**Fig. 5.7** Temporal dynamics of density of dominant families in parasitoids sub-community between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing I in 2010 and 2011. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date are significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .

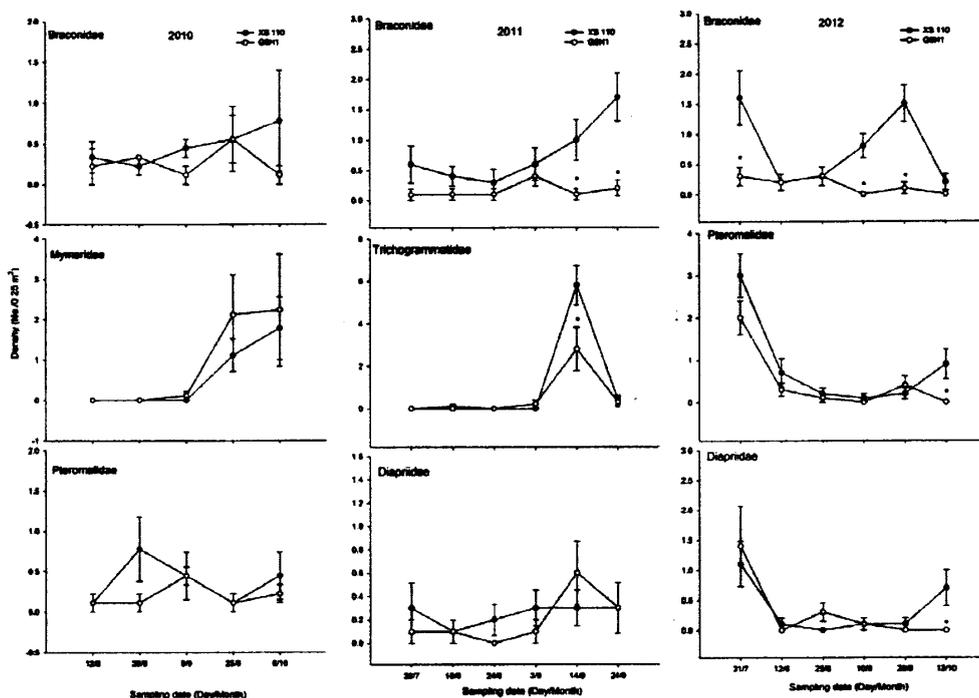


图 5.8 长兴 II 试验点 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间寄生性昆虫优势类群密度的时间动态

Fig.5.8 Temporal dynamics of density of dominant families in parasitoids sub-community between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing II in 2010, 2011 and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date are significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .

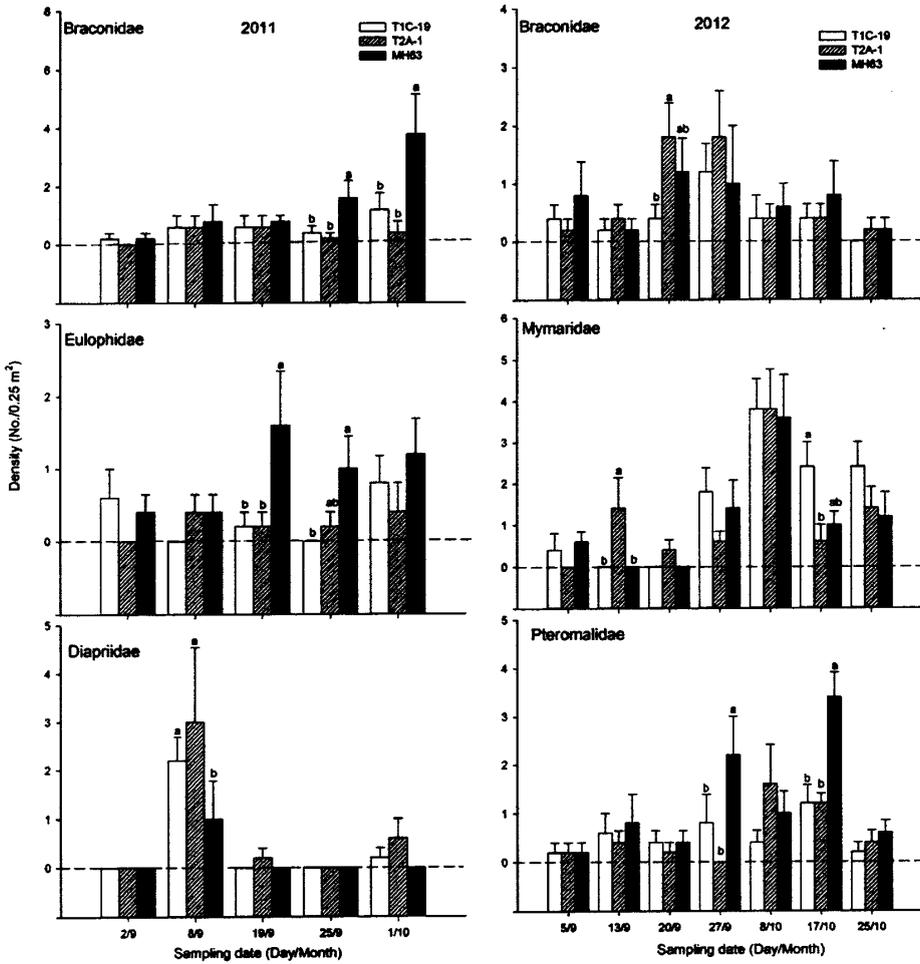


图 5.9 金华试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻(TIC-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间寄生性昆虫优势类群密度的时间动态

Fig.5.9 Temporal dynamics of density of dominant families in parasitoids sub-community between *Bt* (TIC-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Jinhua in 2011 and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling date are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

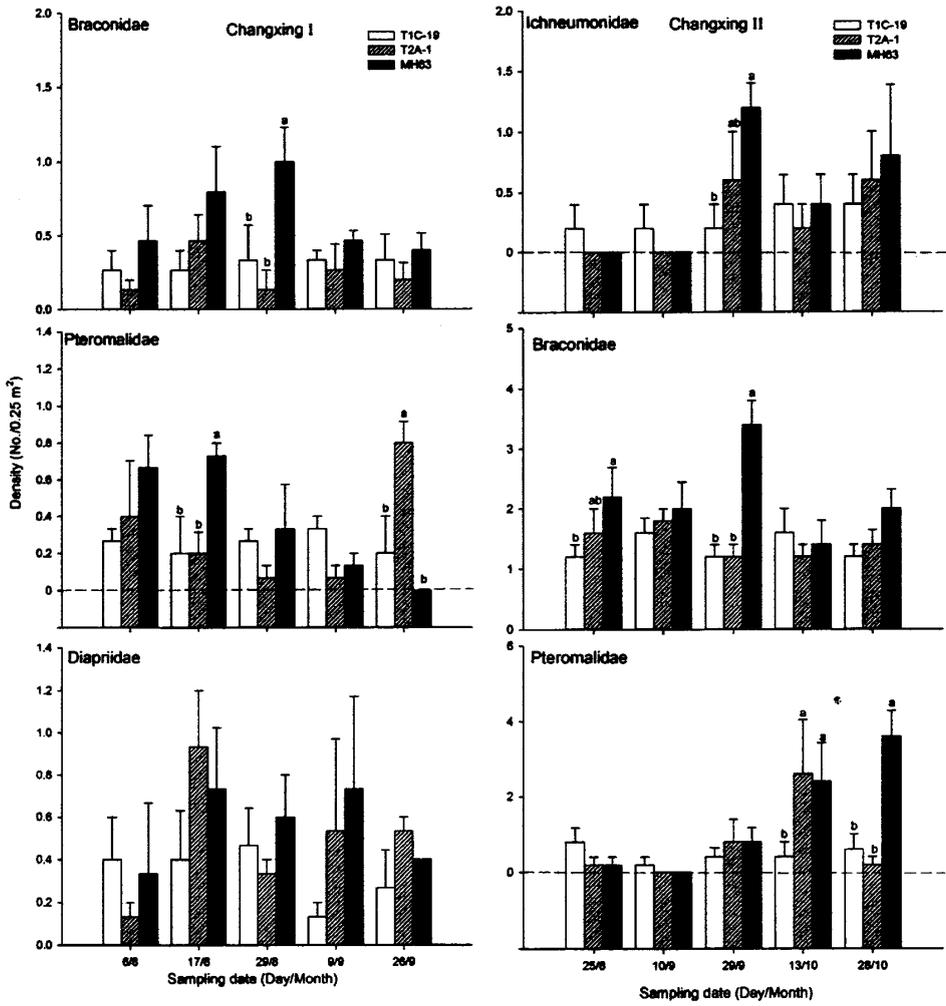


图 5.10 长兴 I 和长兴 II 试验点 2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间寄生性昆虫优势类群密度的时间动态

Fig.5.10 Temporal dynamics of density of dominant families in parasitoids sub-community between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Changxing I and Changxing II in 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

## 第六章 四类转基因抗虫水稻对捕食性昆虫亚群落及其

### 优势类群数量动态的影响

捕食性天敌是稻田生态系统中的天敌类群之一，达到 820 种，其中昆虫纲种类为最多，达 460 种，占捕食性天敌总种数的 56.10%；其次为蛛形纲，共 308 种，占 37.56%。捕食性昆虫主要包括鞘翅目、半翅目以及蜻蜓目。捕食性天敌数量多、活动性强、食性也较广，对水稻害虫具有很好的控制作用（程家安和何俊华 1996）。*Bt* 水稻引入到稻田生态系统中，对捕食性昆虫的影响主要是通过猎物介导的，一方面对 *Bt* 蛋白敏感的昆虫由于个体变小、生长缓慢、行动迟缓以及体内的营养成分发生变化，会影响到该昆虫作为猎物的质量；另一方面 *Bt* 蛋白在昆虫体内如果仍然具有活性，那么捕食性昆虫就可能直接暴露于 *Bt* 蛋白，此外，当害虫取食表达 *Bt* 毒蛋白的花粉时其身体表面可以携带一部分花粉，同时捕食性瓢虫也可以直接取食花粉。可见，捕食性昆虫通过几种途径有暴露于 *Bt* 蛋白的风险。因此，评价 *Bt* 水稻对捕食性昆虫的影响是非常必要。

### 1 材料和方法

供试材料和方法见第二章

### 2 结果

#### 2.1 非靶标捕食性昆虫亚群落类群的组成及其优势度

##### 2.1.1 转 *cry1Ab* 基因梗稻

杭州试验点五年的调查结果表明，非靶标捕食性昆虫主要包括蜻蜓目（Odonata）的虻科（Coenagrionidae）和蜻科（Libellulidae），半翅目（Hemiptera）的宽龟蝽科（Veliidae）、黑肩绿盲蝽（*Cyrtorhinus livipennis*）、花蝽科（Anthocoridae）、姬蝽科（Nabidae）、猎蝽科（Reduviidae），双翅目（Diptera）的包括长足虻科（Dolichopodidae）、舞虻科（Empididae）、食蚜蝇科（Syrphinae）和沼蝇科（Sciomyzidae），鞘翅目（Coleoptera）的包括的瓢虫科（Coccinellidae）、步甲科（Carabidae）、隐翅甲科（Staphilinidae）、龙虱科（Dytiscidae），脉翅目（Neuroptera）的草蛉科（Chrysopidae），膜翅目（Hymenoptera）的蚁科（Formicidae）和胡蜂科（Vespidae）。KMD1、KMD2 及其对照之间的各个捕食性类群的优势度随着年份的变化有所不同（图 6.1）。总体来说，黑肩绿盲蝽、尖钩宽龟蝽、长足虻科和舞虻科是稻田捕食性昆虫的优势类群。四类优势类群在 KMD1、KMD2 和 KCK 所占的比例在 2008-2012 年

分别是 66.83%、72.05%、76.14%，28.25%、21.91%、17.92%，0.60%、1.12%、1.01%、2.52%、2.81%、3.84%；58.28%、52.33%、63.64%，30.73%、39.74%、4.38%，0.39%、0.15%、0.75%，6.24%、4.65%、7.07%；90.96%、90.57%、91.54%，1.31%、2.52%、0.62%，0.12%、0.31%、0.15%，3.69%、3.62%、3.69%；43.35%、57.76%、60.15%，8.23%、2.97%、4.43%，3.80%、5.25%、2.14%，17.09%、7.76%、6.72%；51.64%、53.62%、49.40%，10.53%、0.99%、0.30%，1.97%、0.66%、1.51%，10.53%、12.50%、10.84%。

### 2.1.2 转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻

两地三年的调查结果表明，转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻和对照的捕食性昆虫类群的组成和 KMD 系列相似。G6H1 及其对照之间的各个捕食性类群的优势度随着年份和地点的变化有所不同（图 6.2 和图 6.3）。总体来说，黑肩绿盲蝽、尖钩宽尾蝽、长足虻科和舞虻科是稻田捕食性昆虫的优势类群。四类优势类群在长兴 I 试验点 2010 年和 2011 年对照和 G6H1 所占的比例分别是 83.40%、86.21%，2.02%、0.86%，0.00%、1.29%，7.29%、4.31%；49.34%、62.30%，2.37%、3.01%，9.76%、3.55%，14.78%、8.74%；长兴 II 试验点 2010-2012 年所占的比例分别是 82.50%、71.60%，0.58%、5.43%，3.46%、3.46%，8.08%、12.10%；20.71%、4.70%，37.86%、60.07%，6.07%、6.71%，16.43%、7.38%；38.27%、56.36%，26.65%、16.77%，4.10%、3.03%，21.18%、14.55%。

### 2.1.3 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻

三地两年的调查结果表明，转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻和对照的捕食性昆虫类群的组成和 KMD 系列相似。T1C-19、T2A-1 及其对照之间的各个捕食性类群的优势度随着年份和地点的变化有所不同（图 6.4 和图 6.5）。总体来说，黑肩绿盲蝽、尖钩宽尾蝽、长足虻科和舞虻科是稻田捕食性昆虫的优势类群。四类优势类群在金华试验点 2011 年和 2011 年 T1C-19、T2A-1 和对照田块所占的比例分别 91.23%、93.30%、95.98%，2.11%、0.00%、0.28%，0.53%、0.00%、0.00%，3.16%、4.57%、2.22%；62.71%、55.86%、67.08%，0.62%、1.54%、0.62%，5.30%、4.48%、3.95%，16.69%、26.39%、16.52%；在 2012 年长兴 I 试验点和长兴 II 试验点的比例分别是 82.22%、82.25%、84.62%，3.25%、4.57%、2.49%，1.43%、1.01%、1.28%，9.68%、8.37%、8.52%；60.00%、57.14%、51.96%，5.71%、17.23%、6.76%，0.52%、0.45%、0.53%，25.71%、20.41%、35.94%。

## 2.2 常见优势种群类群密度的时间动态

### 2.2.1 转 *cry1Ab* 基因粳稻

黑肩绿盲蝽、尖钩宽尾蝽、长足虻科和舞虻科的密度的时间动态见图 6.6，从图中可以看出除极个别的取样时间 *Bt* 水稻和对照之间存在差异之外，总体趋势在 KMD1、KMD2 和对照之间基本上是一致的。

### 2.2.2 转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻

黑肩绿盲蝽、尖钩宽尾蝽、长足虻科和舞虻科的密度的时间动态见图 6.7 和 6.8，从图中可以看出除极个别的取样时间 *Bt* 水稻和对照之间存在差异之外，总体趋势在 G6H1 和对照 XS110 之间基本上是一致的。

### 2.2.3 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻

黑肩绿盲蝽、尖钩宽尾蝽、长足虻科和舞虻科的密度的时间动态见图 6.9 和 6.10，从图中可以看出除极个别的取样时间 *Bt* 水稻和对照之间存在差异之外，总体趋势在 T1C-19、T2A-1 和对照 MH63 之间基本上是一致的。

## 3 讨论

本章研究结果表明转 *Bt* 基因粳稻或籼稻与对照间捕食性昆虫组成和优势度的分布比较类似，黑肩绿盲蝽、尖钩宽尾蝽、舞虻和长足虻是主要的优势类群。*Bt* 水稻田中，这四类优势类群密度的时间动态，与对照相比，大多情况下都无显著差异，虽然有时在极个别取样时间存在差异。

捕食性昆虫的种群密度在极个别类群之间存在差异，可能是有三方面原因导致的，一个是 *Bt* 水稻对靶标害虫的高致死效应，导致猎物的减少进而影响到捕食者的数量；另一方面来说，捕食者的数量和植食者的数量存在一定相关性，当猎物的质量和数量受到影响，捕食者的种群也会发生波动。由于，*Bt* 蛋白对田间中的优势类群飞虱和叶蝉没有直接的毒性。Bernal 等的研究表明褐飞虱的蜜露中虽然可以检测到 *Bt* 毒蛋白，但是黑肩绿盲蝽的若虫期间的存活率和雌雄发育历期却没有受到 *Bt* 水稻的影响(Bernal et al. 2002)，同样以取食 *Bt* 水稻的褐飞虱若虫为猎物时，虽然可以在褐飞虱成虫和若虫的体内检测到 *Bt* 蛋白，但是龟纹瓢虫的发育历期、化蛹率、羽化率以及蛹和成虫的重量和对照没有差别(Bai et al. 2006)；最后一个方面是，取样时间也可能对结果有所影响。不同的取样方法在检测种群动态方面各有

利弊，吸虫器适合捕捉水面以上的、活动性比较强的昆虫。不同的人在使用吸虫器的时候掌握的熟练程度和对抽吸时间的估计也是存在差异的，因此取样导致的误差也是不能忽略的。

*Bt* 水稻对捕食性昆虫的影响因转基因水稻的品系、地点、年代和取样方法的不一致性而有所不同，总体情况来看，*Bt* 水稻对捕食性昆虫没有显著的负面影响，然而试验持续的时间和面积可能相对来说比较短或小，因此长期的、大规模以及多地点的监测是非常必要。

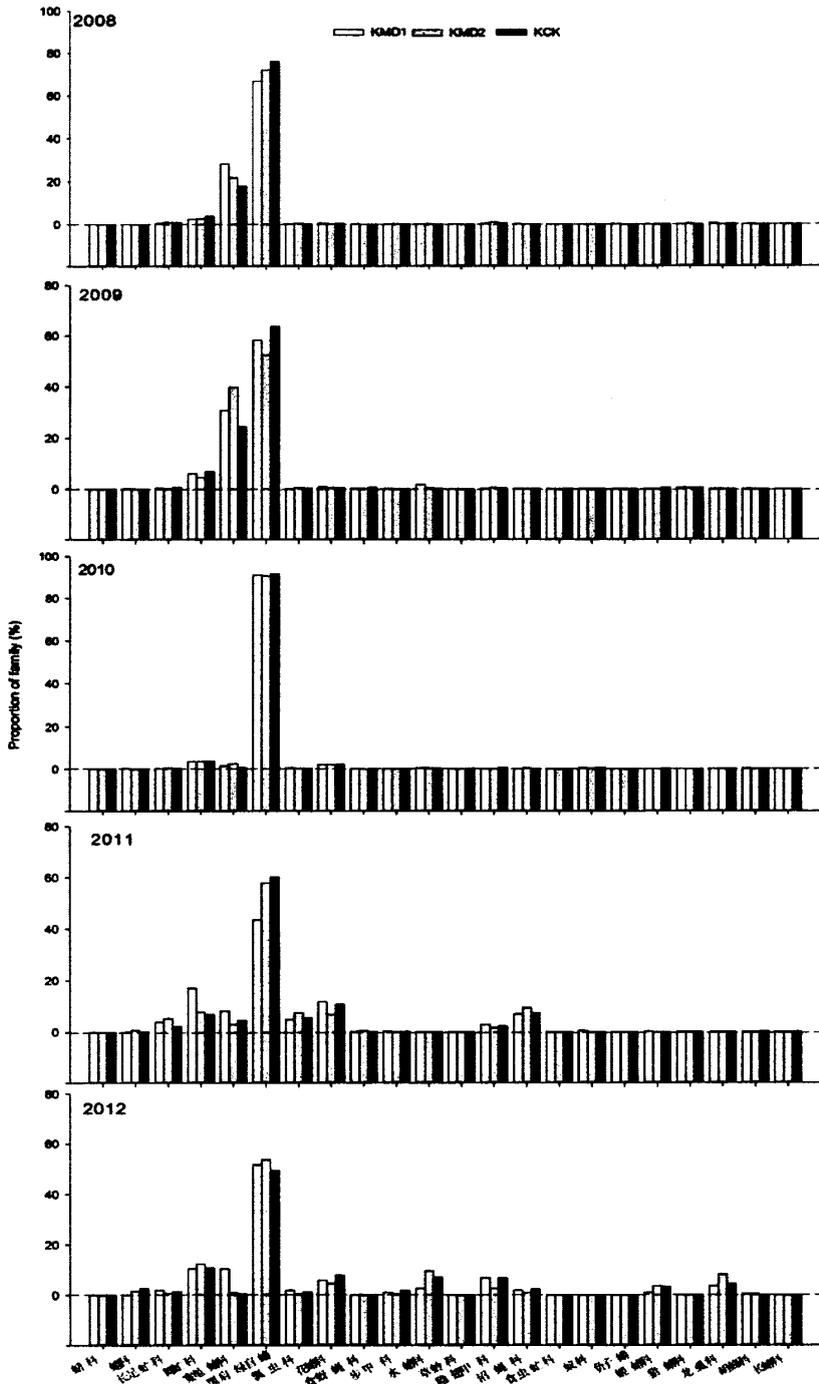


图 6.1 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间捕食性昆虫类群的组成及其优势度

Fig.6.1 Composition of predators (insects) sub-communities and their proportion between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice (KCK) at Hangzhou from 2008 to 2012

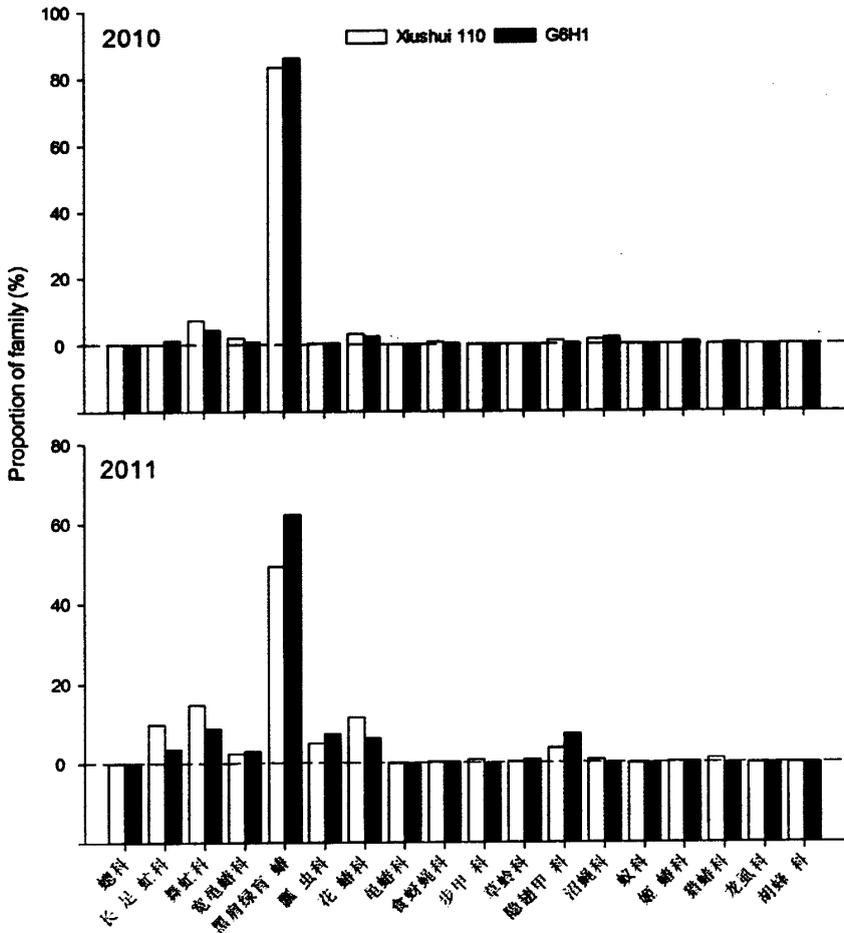


图 6.2 长兴 I 试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (Xiushui110) 之间捕食性昆虫类群的组成及其优势度

Fig.6.2 Composition of predators (insects) sub-communities and their proportion between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (Xiushui110) at Changxing I in 2010 to 2011

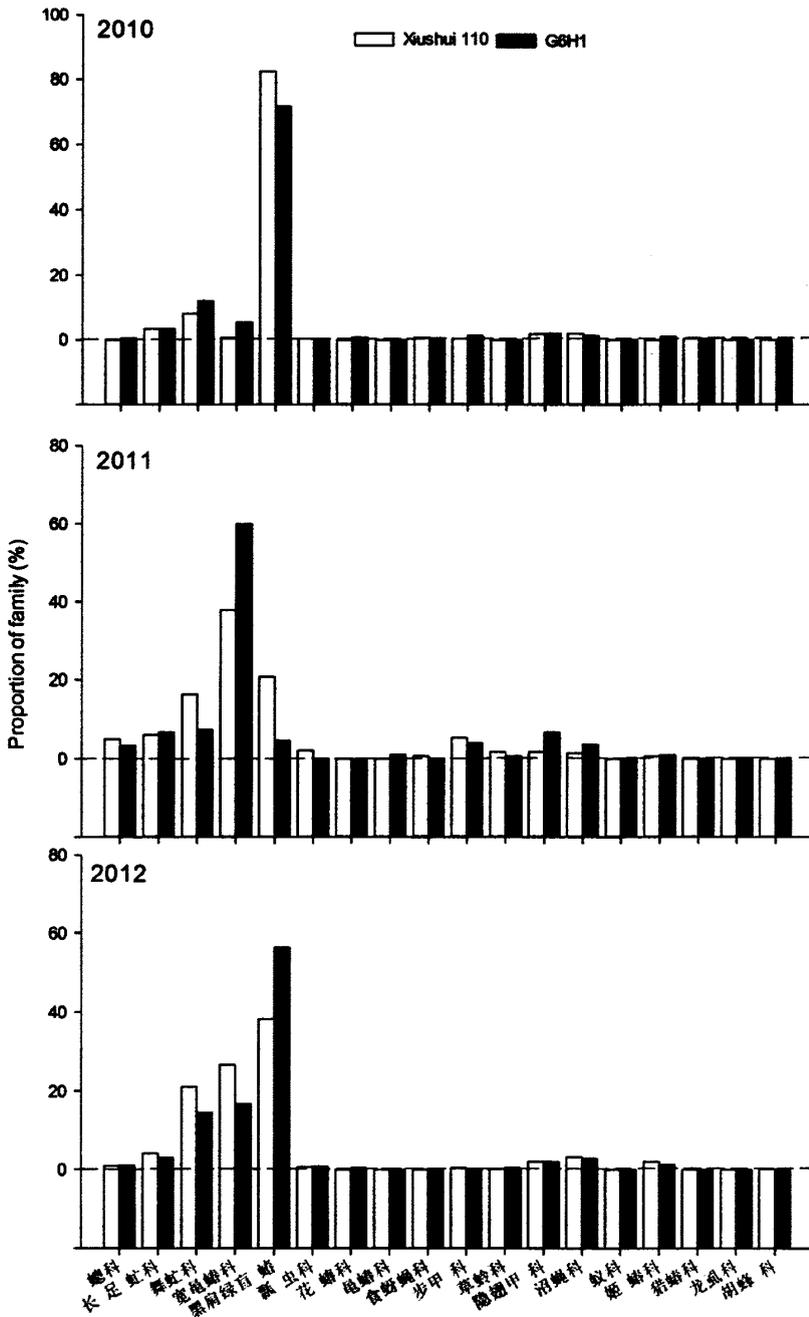


图 6.3 长兴 II 试验点 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (Xushui110) 之间捕食性昆虫类群的组成及其优势度

Fig.6.3 Composition of predators (insects) sub-communities and their proportion between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (Xushui110) at Changxing II in 2010, 2011, and 2012

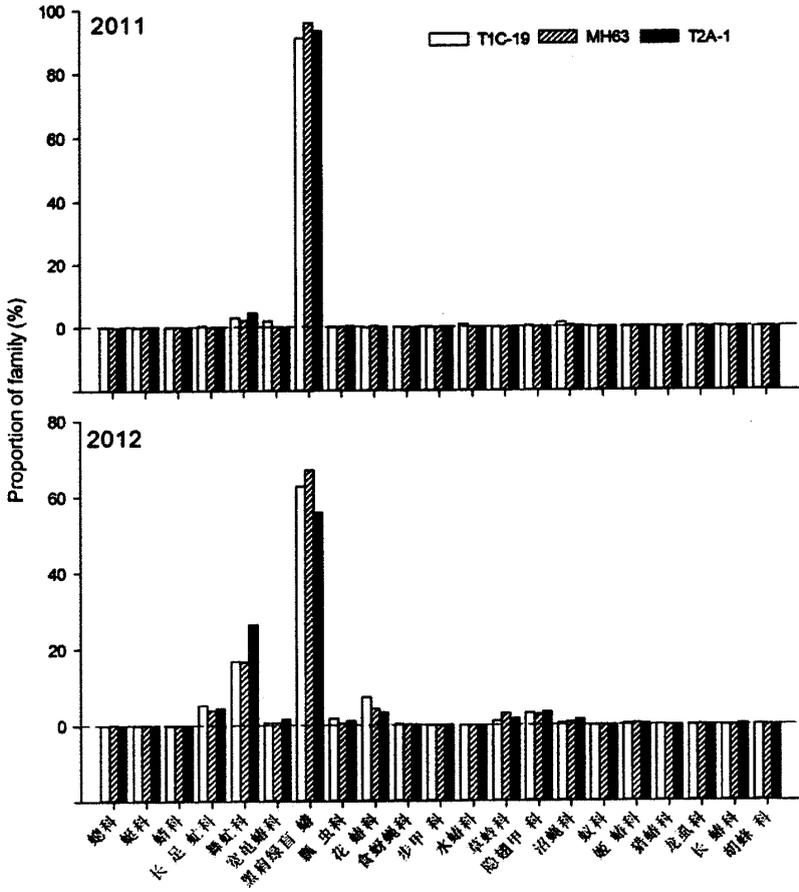


图 6.4 金华试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间捕食性昆虫类群的组成及其优势度

Fig.6.4 Composition of predators (insects) sub-communities and their proportion between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) at Jinhua in 2011 and 2012

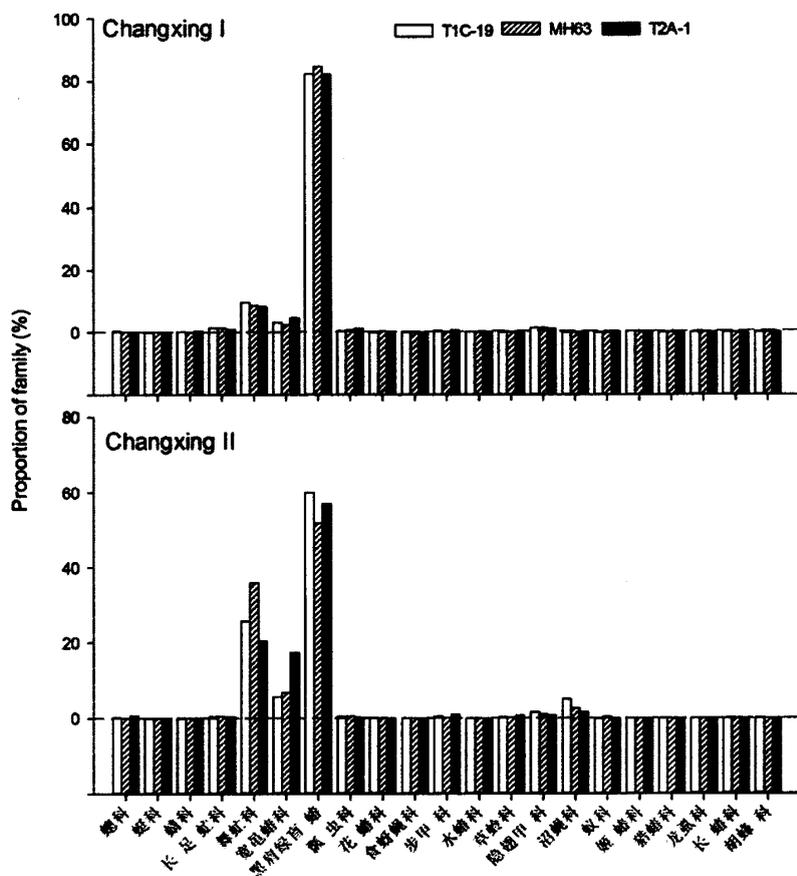


图 6.5 长兴 I 和长兴 II 试验点 2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间捕食性昆虫类群的组成及其优势度

Fig.6.5 Composition of predators (insects) sub-communities and their proportion between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) at Changxing I and Changxing II in 2012

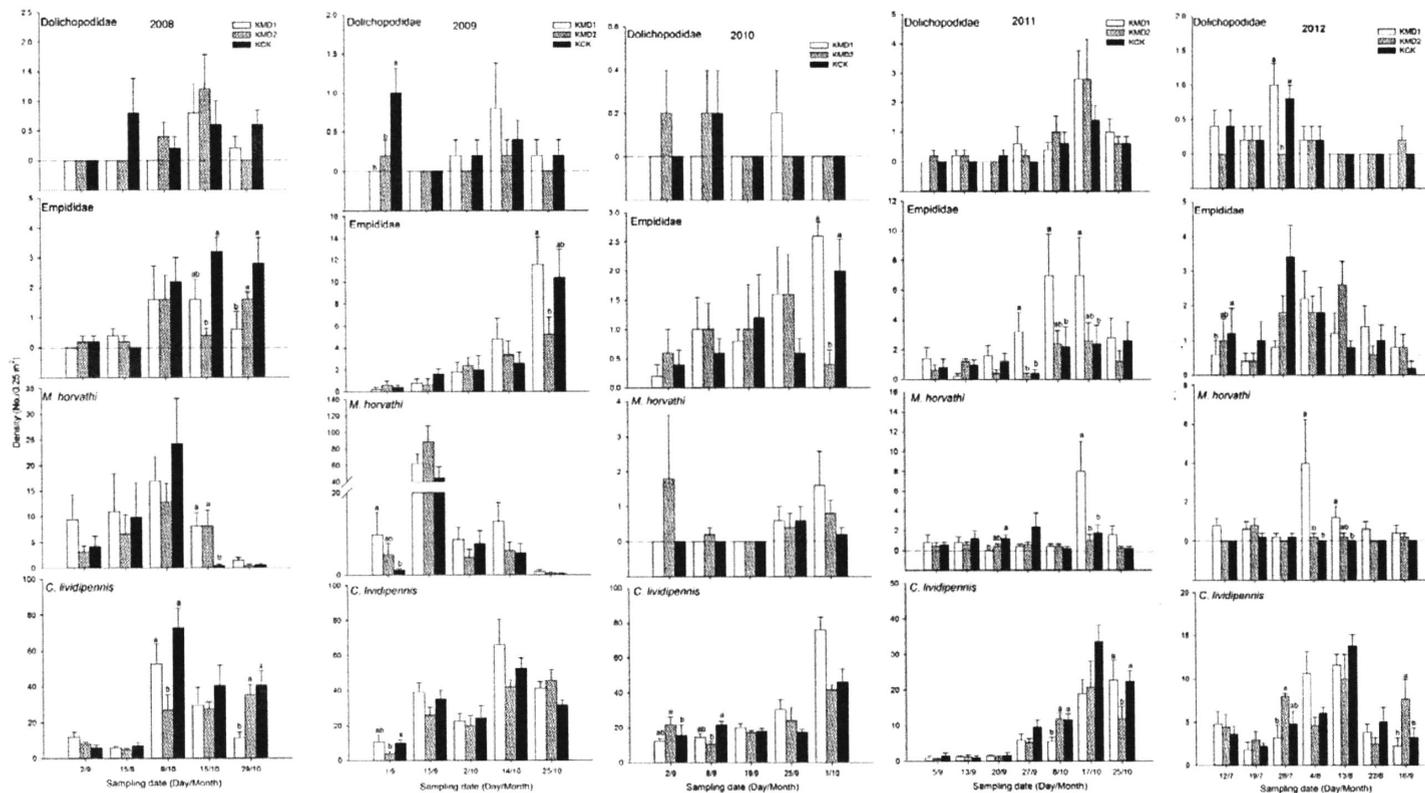


图 6.6 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 捕食性昆虫优势类群密度的时间动态

**Fig.6.6 Temporal dynamics of density of dominant families in predatory insects sub-community between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice plots (KCK) at Hangzhou from 2008 to 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letter on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).**

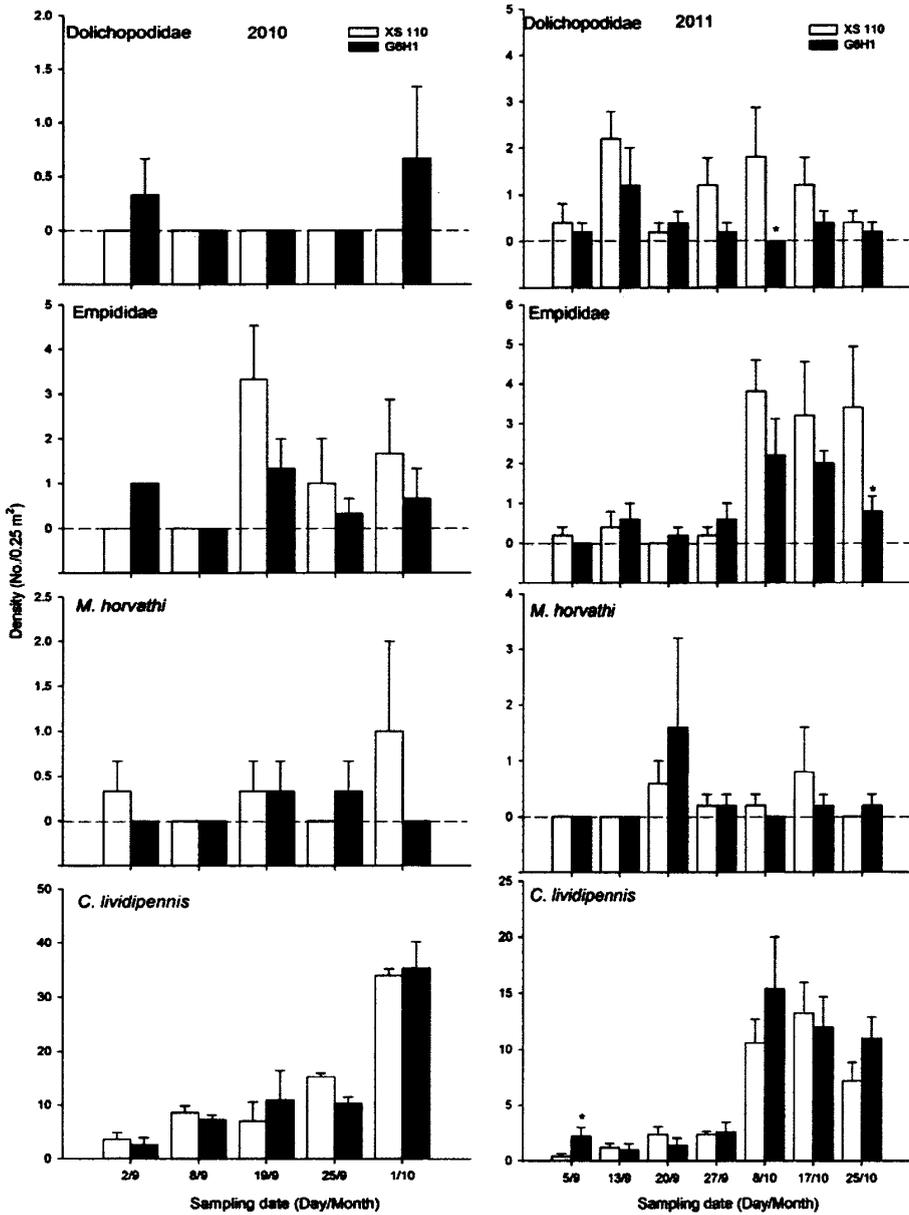


图 4.7 长兴 I 试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间捕食性昆虫优势类群密度的时间动态

Fig. 4.7 Temporal dynamics of density of dominant families in predatory insects sub-community between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing I in 2010 and 2011. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date are significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .

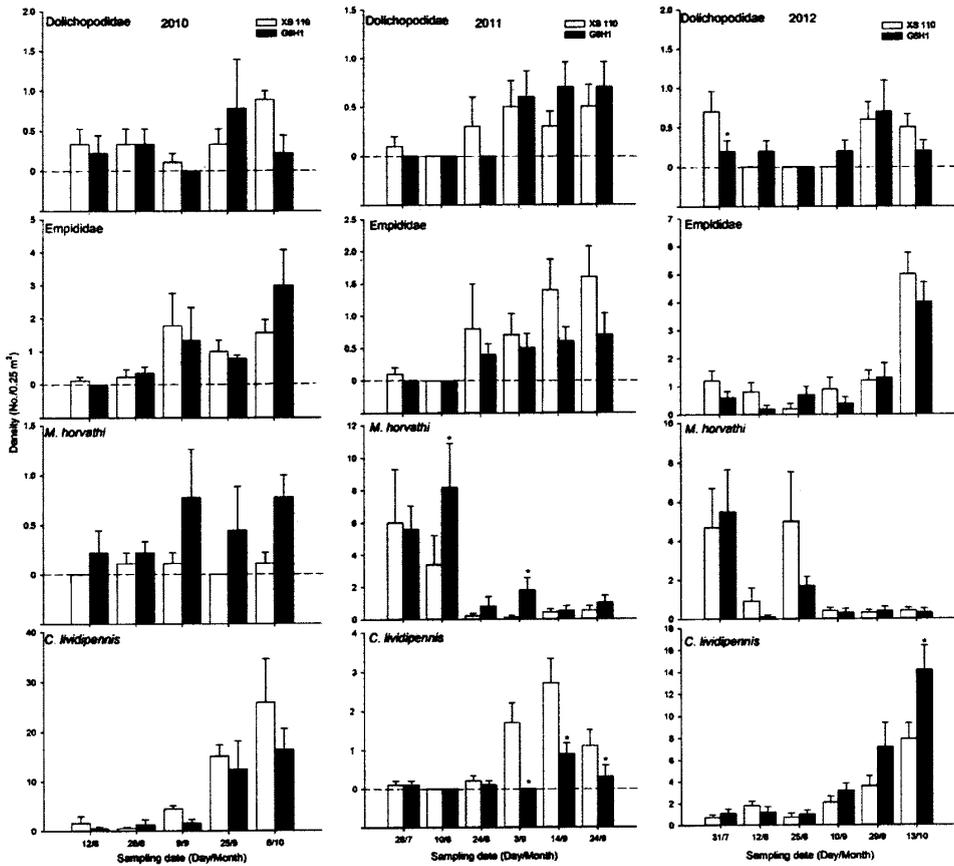


图 6.8 长兴 II 试验点 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间捕食性昆虫优势类群密度的时间动态

Fig.6.8 Temporal dynamics of density of dominant families in predatory insects sub-community between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing II in 2010, 2011, and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date are significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .

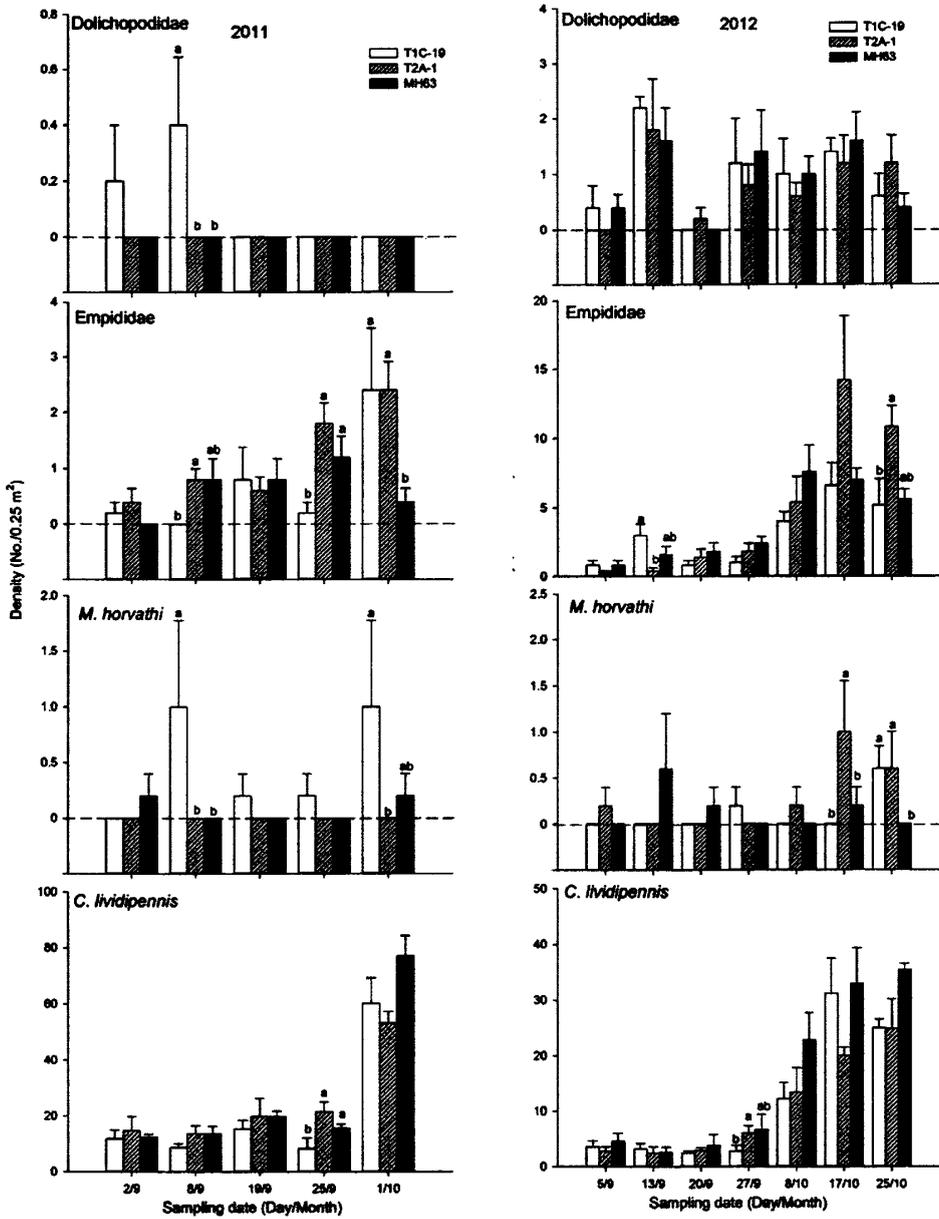


图 6.9 金华试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间捕食性昆虫优势类群密度的时间动态

Fig.6.9 Temporal dynamics of density of dominant families in predatory insects sub-community between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Jinhua in 2011 and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letter on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

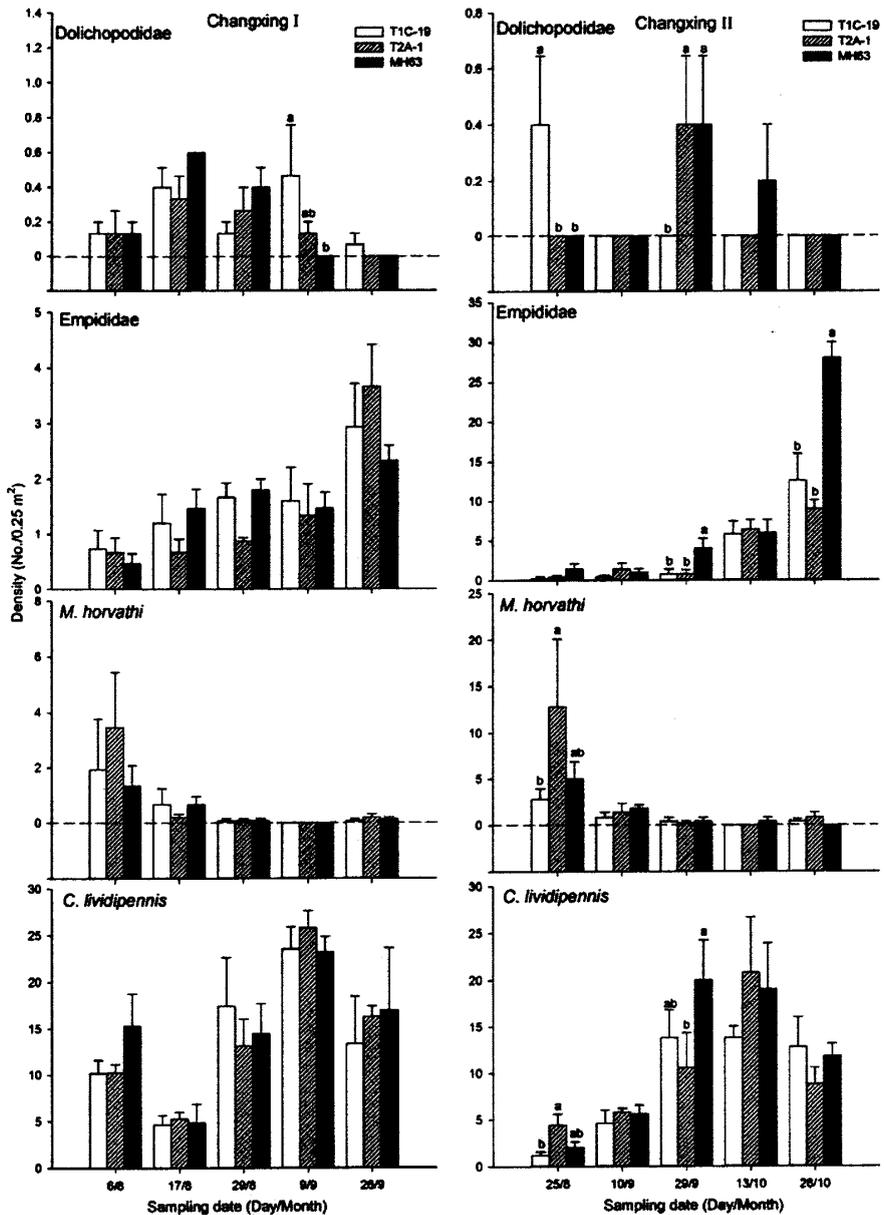


图 6.10 长兴 I 和长兴 II 试验点 2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田(MH63)之间捕食性昆虫优势类群密度的时间动态

Fig.6.10 Temporal dynamics of density of dominant families in predatory insects sub-community between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Changxing I and Changxing II in 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

## 第七章 四类转基因抗虫水稻对蜘蛛亚群落及其优势种群数量动态的影响

我国稻田蜘蛛共计 373 种, 隶属 23 科 109 属, 蜘蛛全肉食性、性凶猛、食量大、耐饥饿和繁殖力强等, 而且寿命很长 (王洪全 2006)。因此, 蜘蛛在维持害虫种群的数量、发挥生物防治的功能方面具有重要的作用和地位。前人的研究结果表明 *Bt* 水稻对稻田生态系统中蜘蛛的优势类群—拟水狼蛛、拟环纹豹蛛、食虫瘤胸蛛的生长发育、存活、繁殖没有负面的影响 (Chen et al. 2009, Tian et al. 2010, Tian et al. 2012a), 而且采用 PCR-LDR 的方法对拟水狼蛛和锥腹肖蛸体内 15 中猎物的追踪发现, *Bt* 水稻上两种蜘蛛的猎物结构和对照是一致的 (Li et al. 2011), 田间调查也表明这三种蜘蛛和锥腹肖蛸的种群密度在 *Bt* 水稻田和对照田也是相似的 (刘志诚等. 2002, Chen et al. 2009, Tian et al. 2010, Tian et al. 2012a)。然而, 以上的研究都是基于表达 *Cry1A* 蛋白的水稻, *cry1C*、*cry2A* 和 *vip3H* 可能在田间条件下, 具有不同的生态影响, 而且根据转基因作物的对应分析原则, 上述三个水稻新品系对蜘蛛群落的影响也要进行系统评价。

### 1 材料和方法

供试材料和方法见第二章的

### 2 结果

#### 2.1 蜘蛛亚群落的组成及其优势种类密度的时间动态

##### 2.1.1 转 *cry1Ab* 基因粳稻

杭州五年的调查共获得蜘蛛 4,870 头, 隶属于 9 科 27 种, 其中 KMD1 获得 25 种, 计 1,746 头, KMD2 获得 23 种, 计 1,485 头, 对照获得 22 种, 计 1,639 头。狼蛛科 (Lycosidae)、肖蛸科 (Tetragnathidae)、球腹蛛科 (Theridiidae) 和微蛛科 (Micryphantidae) 是主要的类群。各个种类密度的年度变化见表 7.1, 从表中可以得知除锥腹肖蛸之外, 其他种类的种群密度在 *Bt* 水稻和对照之间具有相似性。*Bt* 水稻对锥腹肖蛸的密度具有显著性影响, 其中 2008 年, KMD1 田块的锥腹肖蛸的密度高于 KMD2 和对照田, 2011 年 KMD2 和对照之间存在显著差异, 但是 KMD1 和对照之间的密度则没有差异, 其余的年份水稻类型对锥腹肖蛸的密度没有显著的影响。

微蛛科的食虫瘤胸蛛, 球腹蛛科的八斑球腹蛛, 狼蛛科的拟环纹豹蛛和肖蛸科的锥腹肖蛸是稻田蜘蛛的优势类群。四类蜘蛛密度变化的时间动态见图 7.6, 从图中可以看出, 除极

个别的取样时间存在差异外, 整个种群密度的时间动态在 *Bt* 水稻和对照之间基本一致。

### 2.1.2 转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻

两地三年的调查共获得蜘蛛 3,900 头, 隶属于 12 科 35 种, 其中 G6H1 获得 33 种, 计 2,125 头, 对照获得 30 种, 计 1,775 头。狼蛛科、肖蛸科、球腹蛛科和微蛛科是主要的类群。各个种类密度的年度变化见表 7.2, 从表中可以得知除隆背微蛛和斑管巢蛛之外, 其他种类的种群密度在 *Bt* 水稻和对照之间具有相似性。*Bt* 水稻对隆背微蛛和斑管巢蛛的密度具有显著性影响。隆背微蛛在长兴 II 的 2010 存在差异, 斑管巢蛛在长兴 I 试验点的 2010 年存在差异, 但是由于所获得数量较少只能作为一个参考值。总体来说, G6H1 对各个种的种群密度没有负面影响。

微蛛科的食虫瘤胸蛛, 球腹蛛科的八斑球腹蛛, 狼蛛科的拟环纹豹蛛和肖蛸科的锥腹肖蛸是稻田蜘蛛的优势类群。四类蜘蛛密度变化的时间动态见图 7.7 和 7.8, 从图中可以看出, 除极个别的取样时间存在差异外, 整个种群密度的时间动态在 *Bt* 水稻和对照之间基本一致。

### 2.1.3 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻

三地两年的调查共获得蜘蛛 4,591 头, 隶属于 11 科 25 种, 其中 TIC-19 获得 21 种, 计 1,515 头, T2A-1 获得 23 种, 计 1,375 头, 对照获得 24 种, 计 1,701 头。狼蛛科、肖蛸科、球腹蛛科和微蛛科是主要的类群。各个种类密度的年度变化见表 7.3。从表中可以得知除食虫瘤胸蛛和八斑球腹蛛之外, 其他种类的种群密度在 *Bt* 水稻和对照之间具有相似性。*Bt* 水稻对食虫瘤胸蛛和八斑球腹蛛的密度具有显著性影响, 其中金华试验点 2011 年, *Bt* 水稻和对照之间的食虫瘤胸蛛的密度存在差异, 长兴 II 试验点的 2012 年, 食虫瘤胸蛛的密度在 TIC-19 和 T2A-1 存在差异, 但是 *Bt* 水稻和对照之间没有差异。金华试验点 2011 年, T2A-1 上的八斑球腹蛛的密度显著的低于对照上, 其他的地点和年代之间不存在显著差异。总体上来说, TIC-19 和 T2A-1 对各个蜘蛛种的年度密度没有影响。

微蛛科的食虫瘤胸蛛, 球腹蛛科的八斑球腹蛛, 狼蛛科的拟环纹豹蛛和肖蛸科的锥腹肖蛸是稻田蜘蛛的优势类群。四类蜘蛛密度变化的时间动态见图 7.9 和 7.10, 从图中可以看出, 除极个别的取样时间存在差异外, 整个种群密度的时间动态在 *Bt* 水稻和对照之间基本一致。

2.2 蜘蛛亚群落群落结构参数

2.2.1 转 *cry1Ab* 基因梗稻

研究表明, KMD1、KMD2 与对照之间的物种丰富度, Shannon-wiener 多样性指数, 均匀度指数和 Simpson 优势集中性指数因调查年份的不同有所不同, 总体来说 *Bt* 水稻和对照之间存在一致性 ( $P>0.05$ ) (表 7.4)。

表 7.4 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间节肢动物群落参数的年度变化

Table 7.4 Diversity indices of spider communities between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice (KCK) plots at Hangzhou during 2008-2012

Year	Lines	<i>S</i>	<i>H'</i>	<i>J</i>	<i>C</i>
2008	KMD1	7.80±0.80	1.87±0.05	0.64±0.03	0.63±0.01
	KMD2	7.60±1.08	1.71±0.18	0.59±0.03	0.55±0.04
	KCK	7.80± 0.73	1.74±0.20	0.59±0.06	0.55±0.07
	<i>F</i> <sub>2,14</sub> ; <i>P</i>	0.02; 0.983	0.28; 0.757	0.60; 0.564	1.17; 0.343
2009	KMD1	8.40±0.40	1.88±0.16	0.61±0.05	0.61±0.04
	KMD2	7.60±0.68	1.93±0.15	0.66±0.03	0.65±0.04
	KCK	7.80±0.66	1.81±0.07	0.62±0.02	0.60±0.02
	<i>F</i> <sub>2,60</sub> ; <i>P</i>	0.49; 0.624	0.20; 0.823	0.58; 0.577	0.47; 0.633
2010	KMD1	8.60±0.68	2.19±0.09a	0.71±0.01	0.70±0.01
	KMD2	6.20±1.02	1.49±0.15b	0.58±0.04	0.54±0.05
	KCK	6.60±0.51	1.78±0.22ab	0.66±0.06	0.60±0.07
	<i>F</i> <sub>2,60</sub> ; <i>P</i>	2.82; 0.099	4.82; <b>0.029</b>	2.21; 0.152	2.79; 0.101
2011	KMD1	7.00±0.32	1.35±0.10	0.48±0.04	0.42±0.04
	KMD2	7.40±1.12	1.70±0.25	0.59±0.04	0.54±0.065
	KCK	7.60±0.75	1.53±0.09	0.53±0.03	0.49±0.03
	<i>F</i> <sub>2,84</sub> ; <i>P</i>	0.15; 0.866	1.14; 0.353	2.07; 0.169	1.42; 0.2807
2012	KMD1	10.60±1.03	2.76±0.05	0.82±0.02	0.8311±0.0085
	KMD2	10.00±0.32	2.66±0.09	0.80±0.03	0.8060±0.0194
	KCK	10.80±0.66	2.72±0.12	0.79±0.02	0.8137±0.0166
	<i>F</i> <sub>2,84</sub> ; <i>P</i>	0.33; 0.729	0.29; 0.752	0.27; 0.765	0.68; 0.523

Means ±SE (*n*=3). Values within column at the same year followed by the same letter are not significantly different based on repeated-measures ANOVA using Proc mixed followed by Tukey's multiple-range test,  $\alpha=0.05$ . *S*, *H'*, *C* and *J* represent for species richness, Shannon-Weaver diversity index, Simpson dominance concentration index and Evenness index, respectively. *P* values in bold indicate that values have significant differences among rice types.

### 2.2.2 转 *cry1Ab/vip3H* 基因梗稻

研究表明, G6H1 与对照 XS110 之间的物种丰富度, Shannon-wiener 多样性指数, 均匀度指数和 Simpson 优势集中性指数因调查年份的不同有所差异, 除个别年份之外, 总体上来说 *Bt* 水稻和对照之间存在一致性 ( $P>0.05$ ) (表 7.5)。

表 7.5 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间  
节肢动物群落参数的年度变化

Table 7.5 Diversity indices of spider communities  
between *Bt* rice (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110) during 2010-2012

Sites	Year	Line	<i>S</i>	<i>H'</i>	<i>J</i>	<i>C</i>
Changxing I	2010	XS110	4.00±0.58	0.97±0.09	0.50±0.07	0.37±0.05
		G6H1	4.00±1.00	1.31±0.10	0.70±0.06	0.55±0.01
		<i>t</i> <sub>4</sub> ; <i>P</i>	0.00; 1.000	-2.53; 0.065	-2.08; 0.106	-3.40; 0.072
	2011	XS110	4.40±0.51	1.51±0.08	0.73±0.04	0.60±0.01
		G6H1	5.20±0.86	1.62±0.21	0.73±0.03	0.62±0.06
		<i>t</i> <sub>8</sub> ; <i>P</i>	-0.80; 0.447	-0.47; 0.650	0.00; 0.999	-0.24; 0.820
Changxing II	2010	XS110	16.33±0.67	3.33±0.14	0.83±0.03	0.88±0.01
		G6H1	17.67±1.86	3.29± 0.04	0.80±0.02	0.86±0.00
		<i>t</i> <sub>4</sub> ; <i>P</i>	-0.68; 0.5360	0.25; 0.816	0.67; 0.538	0.83; 0.492
	2011	XS110	11.60±0.67	3.04±0.10	0.87±0.01	0.87±0.01
		G6H1	12.80±0.80	2.95±0.10	0.81±0.01*	0.83±0.01*
		<i>t</i> <sub>18</sub> ; <i>P</i>	-1.15; 0.265	0.68; 0.506	3.36; 0.004	2.39; 0.028
	2012	XS110	12.60±0.76	2.71± 0.06	0.75±0.01	0.79±0.01
		G6H1	12.90±0.64	2.71± 0.07	0.74±0.01	0.79±0.01
		<i>t</i> <sub>18</sub> ; <i>P</i>	-0.30; 0.767	-0.04; 0.966	0.50; 0.623	0.17; 0.868

Means ±SE ( $n=3$ ). Values within column at the same year followed by the same letter are not significantly different based on repeated-measures ANOVA using Proc mixed followed by Tukey's multiple-range test,  $\alpha=0.05$ . *S*, *H'*, *C* and *J* represent for species richness, Shannon-Weaver diversity index, Simpson dominance concentration index and Evenness index, respectively. *P* values in bold indicate that Values have significant differences between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110) plots.

### 2.2.3 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻

研究表明, T1C-19、T2A-1 与对照之间的物种丰富度, Shannon-wiener 多样性指数, 均匀度指数和 Simpson 优势集中性指数因调查年份的不同有所不同, 总体上来说 *Bt* 水稻和

对照之间存在一致性 ( $P>0.05$ ) (表 7.6)。

表 7.6 2011-2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间  
节肢动物群落参数的年度变化

**Table 7.6 Diversity indices of spider communities  
between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) plots during 2011-2012**

Year	Line	<i>S</i>	<i>H'</i>	<i>J</i>	<i>C</i>
2011 <sup>a</sup>	T1C-19	4.40±0.81	1.32±0.19	0.69±0.08	0.51±0.06
	T2A-1	3.20±0.37	1.25±0.08	0.79±0.06	0.56±0.02
	MH63	5.00±0.63	1.42±0.09	0.63±0.04	0.53±0.02
	<i>F</i> <sub>2,14</sub> ; <i>P</i>	2.10; 0.165	0.41; 0.674	1.56; 0.250	0.30; 0.743
2012 <sup>a</sup>	T1C-19	6.40±0.98	1.56±0.14	0.60±0.03	0.59±0.03
	T2A-1	5.80±0.37	1.55±0.07	0.61±0.01	0.60±0.01
	MH63	6.80±0.66	1.63±0.13	0.59±0.02	0.60±0.03
	<i>F</i> <sub>2,14</sub> ; <i>P</i>	0.49; 0.622	0.15; 0.862	0.20; 0.820	0.06; 0.938
2012 <sup>b</sup>	T1C-19	15.00±0.58	2.97±0.04	0.76±0.02ab	0.83±0.01
	T2A-1	14.00±1.15	2.92±0.10	0.77±0.01a	0.82±0.01
	MH63	15.33±0.67	2.73±0.10	0.69±0.02b	0.80±0.02
	<i>F</i> <sub>2,8</sub> ; <i>P</i>	0.68; 0.540	2.11; 0.203	6.15; 0.035	1.58; 0.281
2012 <sup>c</sup>	T1C-19	8.20±0.86	2.47±0.17	0.82±0.03ab	0.79±0.04
	T2A-1	10.40±0.68	2.82±0.08	0.84±0.01a	0.84±0.01
	MH63	10.00±0.77	2.47±0.11	0.75±0.03b	0.74±0.03
	<i>F</i> <sub>2,14</sub> ; <i>P</i>	2.29; 0.144	2.58; 0.117	4.01; <b>0.047</b>	2.60; 0.116

Means ±SE ( $n=3$ ). Values within column at the same year followed by the same letter are not significantly different based on repeated-measures ANOVA using Proc mixed followed by Tukey's multiple-range test,  $\alpha=0.05$ . *S*, *H'*, *C* and *J* represent for species richness, Shannon-Weaver diversity index, Simpson dominance concentration index and Evenness index, respectively. *P* values in bold indicate that values have significant differences between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) plots. <sup>a</sup>:Jinhua, <sup>b</sup>:Changxing I, <sup>c</sup>:Changxing II.

## 2.3 蜘蛛亚群落的 PRC 分析

### 2.3.1 转 *cryIAb* 基因粳稻

PRC 和物种权重的分析结果见图 7.1 和表 7.7, 除 2008 年、2011 年的 KMD2 和 2012 年的 KMD1 和 KMD2 与对照之间存在差异之外, 其他年份中 *Bt* 水稻和对照之间的相似性比较高。2008 年到 2012 年中 *Bt* 水稻和对照之间蜘蛛亚群落之间的差异, 水稻品种只能解释总变异的 8.6%、16.7%、8.1%、14.0%和 9.9%, 其中 79.1%、86.8%、53.1%、95.0%和 44.4%能够在 PRC 分析的第一轴得到体现, 但是取样时间能够解释总变异的 52.0%、28.1%、47.3%、37.8%和 39.9%。综合分析 2008-2012 年的数据时, 水稻品种只能解释 6.9%, 其中 60.1%能够在 PRC 分析的第一轴得到体现, 但是取样时间能够解释总变异的 74.6%。综上所述, 蜘蛛亚群落的不同很大程度到是由于取样时间导致的。

物种权重在大于 0.5 或者小于 -0.5 之间是能够影响到整个曲线的趋势, 而权重在 0.5 和 -0.5 之间的物种则基本上没有影响。从物种权重分析的结果中, 把影响曲线趋势的物种提取出来做进一步的分析, 可以明确的是 *Bt* 水稻和对照之间物种的权重并没有随着年代的不同一致性的降低或者升高。

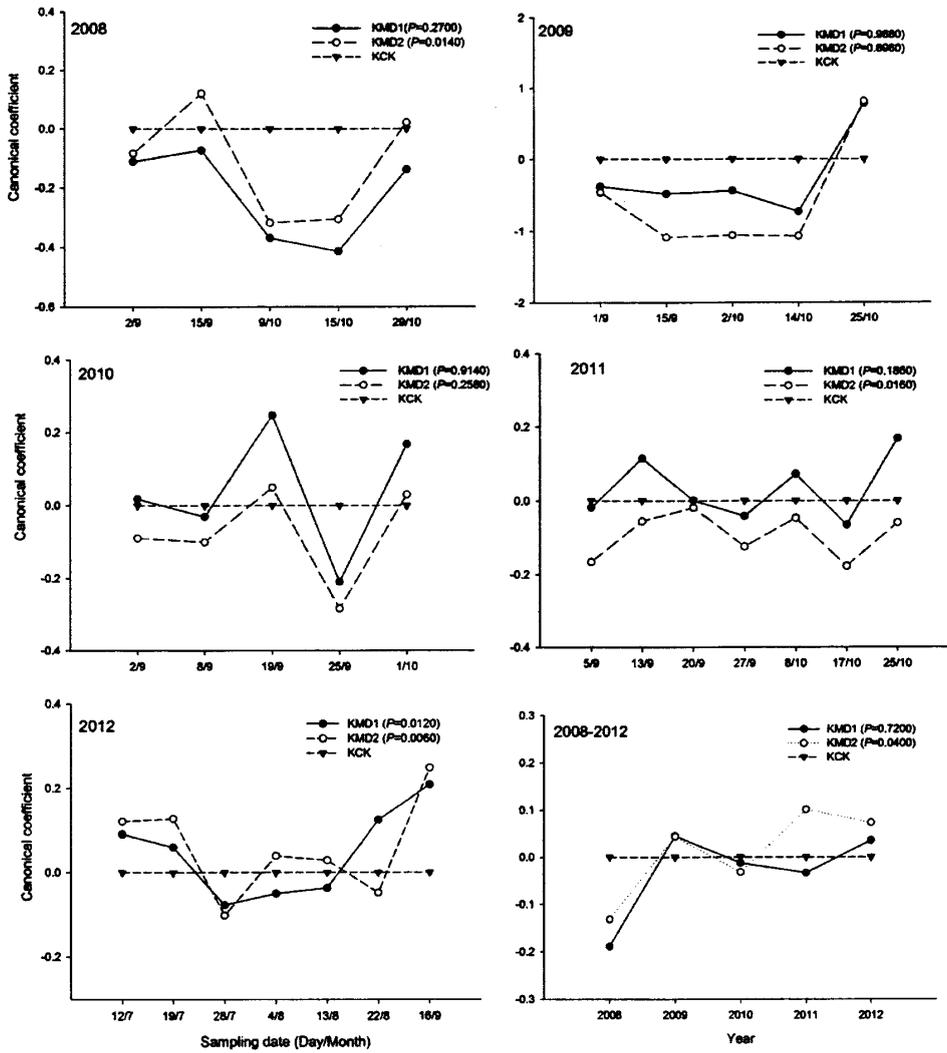


图 7.1 杭州试验点 2008-2012 年蜘蛛亚群落

对 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 响应的 PRC 分析及物种权重

Fig. 7.1 PRCs and species weights of the unsprayed non-*Bt* rice (KMD1 and KMD2) and *Bt* (KCK) at Hangzhou during 2008-2012

表 7.7 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间物种权重的年度变化

Table 7.7 Species weight identified from PRCs analysis

species	拉丁学名	2008	2009	2010	2011	2012	2008-2012
食虫瘤胸蛛	<i>Oedothorax insecticeps</i>	-0.7844	-0.0831	-0.0314	-0.124	-1.3542	-1.3419
草间小黑蛛	<i>Erigonidium graminicolum</i>	-0.2325	0.0122	1.1332	0.4102	-0.1976	-0.3845
驼背额角蛛	<i>Gnathonarium gibberum</i>	0.0775	0.3759	1.0247	-0.1464	1.2059	-0.0003
齿螯额角蛛	<i>Gnathonarium dentatum</i>	-0.3607	0.1613	0.3213	-0.0127		-0.4066
隆背微蛛	<i>Erigone prominens</i>	-0.2472			-0.1142	0.038	-0.2093
八斑球腹蛛	<i>Theridion octomaculatum</i>	-0.9924	0.3646	-0.9918	1.4453	1.9277	-1.8317
叉斑巨齿蛛	<i>Enoplognatha japonica</i>	0.0402	-0.1674	0.6118	0.4261	0.7036	-0.0414
四棘球腹蛛	<i>Chrosiothes sudabides</i>	-0.0579	0.1196	0.1084	0.137	-0.0451	-0.1123
拟环纹狼蛛	<i>Lycosa pseudoamulata</i>	-1.5699	-0.0999	1.363	0.7324	1.9816	-1.2554
拟水狼蛛	<i>Pirata subparaticus</i>	0.1158	0.2377	0.3778	-0.4502	-0.2008	0.8908
沟渠豹蛛	<i>Pardosa laura</i>					0.0371	-0.0577
类水狼蛛	<i>Pirata piratoides</i>				-0.2093		0.1694
星豹蛛	<i>Pardosa astrigera</i>				-0.1464	-0.075	0.0615
锥腹肖蛸	<i>Tetragnatha maxillosa</i>	-3.3912	0.0968	-2.9887	4.6053	-3.3541	-4.336
圆尾肖蛸	<i>Tetragnatha vermiformis</i>	0.3072	-0.0872	0.7124	0.3175	0.0486	0.1081
华丽肖蛸	<i>Tetragnatha nitens</i>	-0.1579	-0.0678	-0.6143	0.5244	-0.1724	-0.2277
四斑锯螯蛛	<i>Dyschiriognatha quadrimaculata</i>		-0.0298	0.5321	-0.1142	-0.1428	0.1055
纵条蝇狮	<i>Marpissa magister</i>	0.1956	0.1394	-0.0595	-0.0813	-0.0482	0.1812
美丽蚁蛛	<i>Myrmarachne formicaria</i>				-0.1464		0.062
菱头跳蛛	<i>Bianor hotingchlehi</i>				0.0091	0.3417	0.0099
白条锯足蛛	<i>Runcinia albostrigata</i>	-0.0846	-0.0267	-0.2591	0.1904	0.3598	-0.3421
波纹花蟹蛛	<i>Xysticus croceus</i>		0.0124		0.1237	0.2991	-0.0024
茶色新园蛛	<i>Neoscona theisi</i>	-0.0217	0.0222	-0.1431	-0.0227	0.8389	-0.1063
兴起狡蛛	<i>Dolomedes insurgens</i>				-0.019	0.0651	-0.0625
星狡蛛	<i>Dolomedes stellatus</i>					-0.3584	0.108
褶管巢蛛	<i>Clubiona corrugata</i>				-0.0121	0.0861	-0.1027
千岛管巢蛛	<i>Clubiona kurilensis</i>				0.0968	-0.0122	-0.0154

### 2.3.2 转 *cry1Ab/vip3H* 基因梗稻

PRC 和物种权重的分析结果见图 7.2-图 7.3 和表 7.8, 从图中可以得知除了 2010 年长兴 I 以及 2011 年长兴 II 中, *Bt* 水稻和对照之间存在差异之外, 其他的地点和年代中 *Bt* 水稻和对照之间的相似性比较高。长兴 I 试验点中, 2010 年和 2011 年中 *Bt* 水稻和对照节肢动物群落之间的差异, 水稻品种只能解释总变异的 9.7%和 7.3%, 其中 85.6%和 64.4%能够在 PRC 分析的第一轴得到体现, 但是取样时间能够解释总变异的 68.9%和 22.8%; 在长兴 II 试验点中, 2010 年到 2012 年, 水稻品种可以解释 13.5%、14.4%和 6.6%, 其中 45.9%、88.9%和 71.2%, 能够在 PRC 分析的第一轴得到体现, 但是取样时间能够解释 44.6%、15.3%和 20.9%, 综上所述, 蜘蛛亚群落的不同很大程度到是由于取样时间导致的, *Bt* 水稻和对照之间蜘蛛亚群落的相似性比较高。

物种权重在大于 0.5 或者小于 -0.5 之间是能够影响到整个曲线的趋势, 而权重在 0.5 和 -0.5 之间的物种则基本上没有影响。从物种权重分析的结果中, 把影响曲线趋势的物种提取出来做进一步的分析, 可以明确的是 *Bt* 水稻和对照之间物种的平均密度除个别存在差异之外, 大部分在两者之间没有不同。

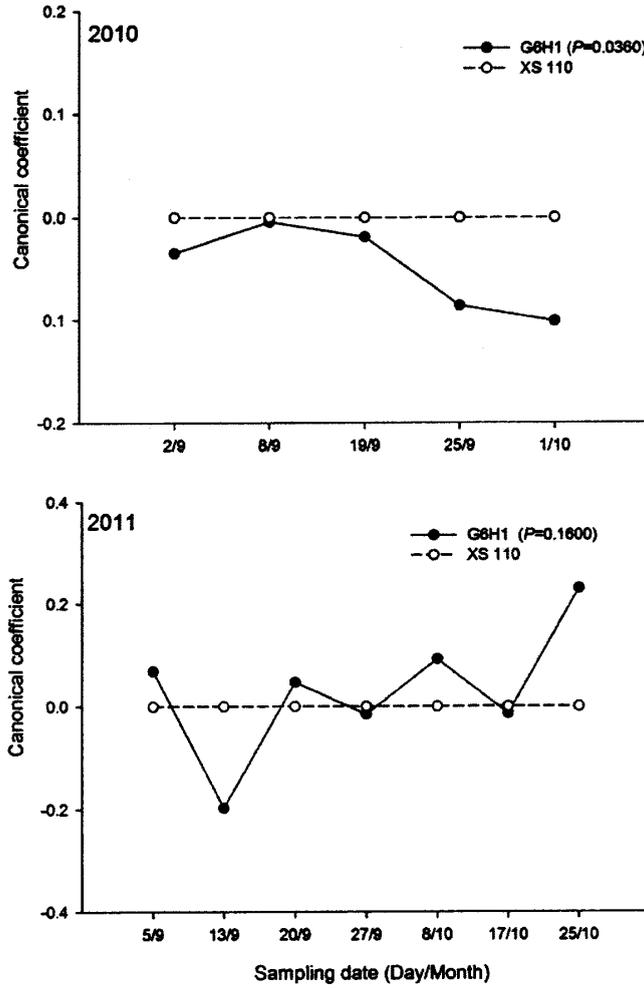


图 7.2 长兴 I 试验点 2010-2012 年蜘蛛亚群落对 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 响应的 PRC 分析及物种权重

Fig.7.2 PRCs and species weights of the unsprayed non-*Bt* (G6H1) and *Bt* rice (XS110) at Changxing I in 2010 and 2011.

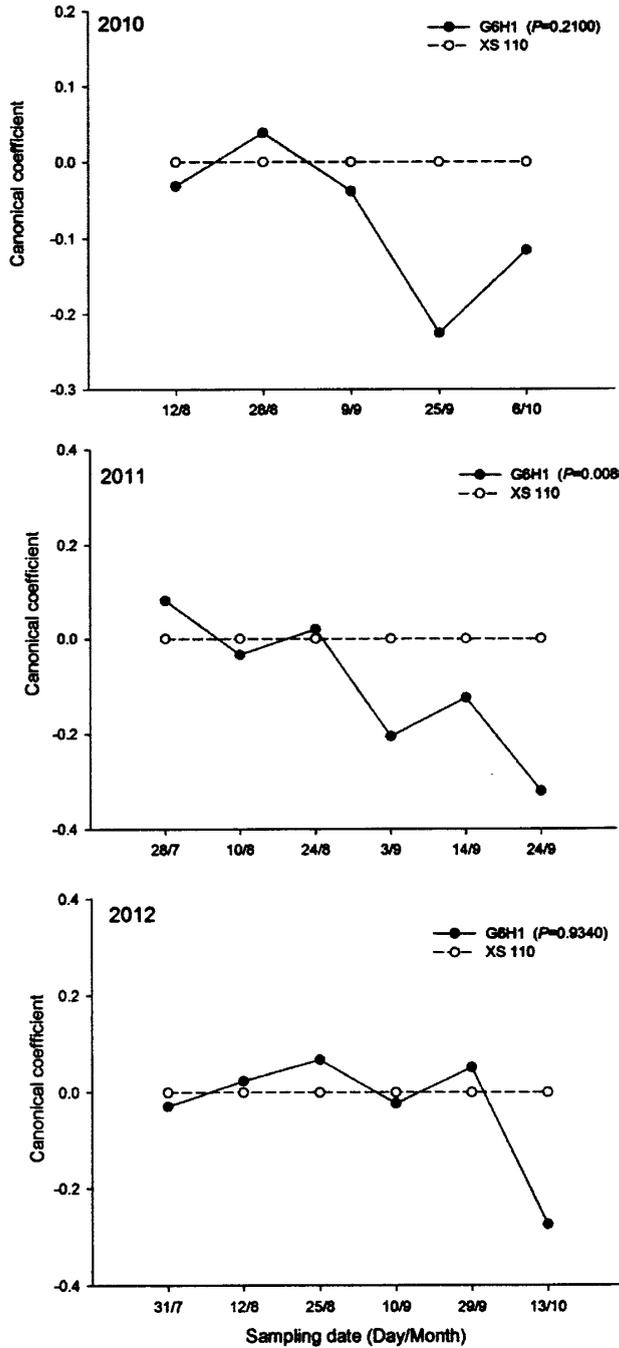


图 7.3 长兴 II 试验点 2010-2012 年蜘蛛亚群落对 G6H1 和对照 XS110 响应的 PRC 分析及物种权重

Fig.7.3 PRCs and species weights of the unsprayed non-Bt (G6H1) and Bt rice (XS110) at Changxing II in 2010, 2011 and 2012.

表 7.8 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间物种权重的年度变化

Table 7.8 Species weight identified from PRCs analysis

pecies	拉丁学名	ChangxingI		ChangxingII		
		2010	2011	2010	2011	2012
食虫瘤胸蛛	<i>Oedothorax insecticeps</i>	0	0	1.3247	-0.5635	3.337
草间小黑蛛	<i>Erigonidium graminicolum</i>	0.3093		-0.6424	0.6268	0.1325
驼背额角蛛	<i>Gnathonarium gibberum</i>	-0.0679	0.1299	4.2921	-0.5304	0.845
齿螯额角蛛	<i>Gnathonarium dentatum</i>		0.2175	0.2188	-1.0464	
隆背微蛛	<i>Erigone prominens</i>			0.554		
八斑球腹蛛	<i>Theridion octomaculatum</i>	2.9313	0.4317	-0.1003	1.0738	0.3
叉斑巨齿蛛	<i>Enoplognatha japonica</i>		0.2008	-0.1615	-0.1536	-0.4799
四棘球腹蛛	<i>Chrosiothes sudabides</i>		0.2933	-0.5203	-0.1649	0.3664
拟环纹狼蛛	<i>Lycosa pseudoamulata</i>	-0.0679	0.3057	0.5824	-3.4417	0.3928
拟水狼蛛	<i>Pirata subparaticus</i>	0.1258	-0.1201	-0.1481	-0.7559	-0.0558
沟渠豹蛛	<i>Pardosa laura</i>			0.1615	-0.613	-0.1522
真水狼蛛	<i>Pirata piraticus</i>			0.0532		
星豹蛛	<i>Pardosa astrigera</i>	0.3632		0.266	-0.1503	
锥腹肖蛸	<i>Tetragnatha maxillosa</i>	-1.3626	3.7882	-1.3905	-2.5503	-2.3754
圆尾肖蛸	<i>Tetragnatha vermiformis</i>	0.1856		0.1733	-0.1373	0.0606
华丽肖蛸	<i>Tetragnatha nitens</i>	0.3632	0.0589	-0.1506	0.0129	-0.0404
四斑据螯蛛	<i>Dyschiriognatha quadrimaculata</i>			-0.1228	-0.0081	0.1902
纵条蝇狮	<i>Marpissa magister</i>		-0.2175	-1.5877	-1.3205	1.0907
黑色蝇虎	<i>Plexippus paykulli</i>			0.5662		
条纹蝇虎	<i>Plexippus setipes</i>			0.5662	-0.014	
美丽蚁蛛	<i>Myrmarachne formicaria</i>					-0.2251
菱头跳蛛	<i>Bianor hotingchlehi</i>			-0.1809	-0.3057	0.073
三突花蛛	<i>Misumenops tricuspidatus</i>		0.0386	0.4966	0.5603	0.5512
波纹花蟹蛛	<i>Xysticus croceus</i>			-0.1615	0.0334	
四点高亮腹蛛	<i>Hypsosinga pygmaea</i>		0.2533	1.0384	-0.0328	-0.4033
黄褐新圆蛛	<i>Neoscona doenitzi</i>		0.0359	0.0576	-0.6103	
兴起狡蛛	<i>Dolomedes insurgens</i>				0.0221	-0.5187
星狡蛛	<i>Dolomedes stellatus</i>			0.7653		
斜纹猫蛛	<i>Oxyopes sertatus</i>			-0.1631		
斑管巢蛛	<i>Clubiona deletrix</i>	-0.3632				
棕管巢蛛	<i>Clubiona japonicola</i>					-0.2014
千岛管巢蛛	<i>Clubiona kurilensis</i>		-0.2175		-0.9155	1.338
幽灵蛛科	<i>Pholcidae</i>			0.3149	-0.0842	-0.0425
巨蟹蛛科	<i>Sparassidae</i>			-0.1615		

### 2.3.3 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻

PRC 和物种权重的分析结果见图 7.4-图 7.5 和表 7.9, 从图中可以得知除了金华试验点 2011 年 T2A-1 和对照以及 2012 年长兴 II 试验点的 T1C-19 和对照之间存在差异之外, 其他的地点和年代中 *Bt* 水稻和对照之间的相似性比较高。金华试验点中, 2011 年和 2012 年中 *Bt* 水稻和对照节肢动物群落之间的差异, 水稻品种只能解释总变异的 10.9%和 12.0%, 其中 87.2%和 61.7%能够在 PRC 分析的第一轴得到体现, 但是取样时间能够解释总变异的 47.0%和 31.6%; 在长兴 I 试验点中, 水稻品种可以解释 13.2%, 其中 47.0%能够在 PRC 分析的第一轴得到体现, 但是取样时间能够解释 35.6%; 在长兴 II 试验点中, 水稻品种可以解释 25.8%, 其中 84.5%能够在 PRC 分析的第一轴得到体现, 但是取样时间能够解释 26.3%, 综上所述, 蜘蛛亚群落的不同很大程度到是由于取样时间导致的, 而除了个别地点和年代存在差异之外, 其余的地点和年代, *Bt* 水稻和对照之间节肢动物群落的相似性比较高。

物种权重在大于 0.5 或者小于 -0.5 之间是能够影响到整个曲线的趋势, 而权重在 0.5 和 -0.5 之间的物种则基本上没有影响。从物种权重分析的结果中, 把影响曲线趋势的物种提取出来做进一步的分析, 可以明确的是 *Bt* 水稻和对照之间物种的平均密度除个别存在差异之外, 大部分在两者之间没有不同。

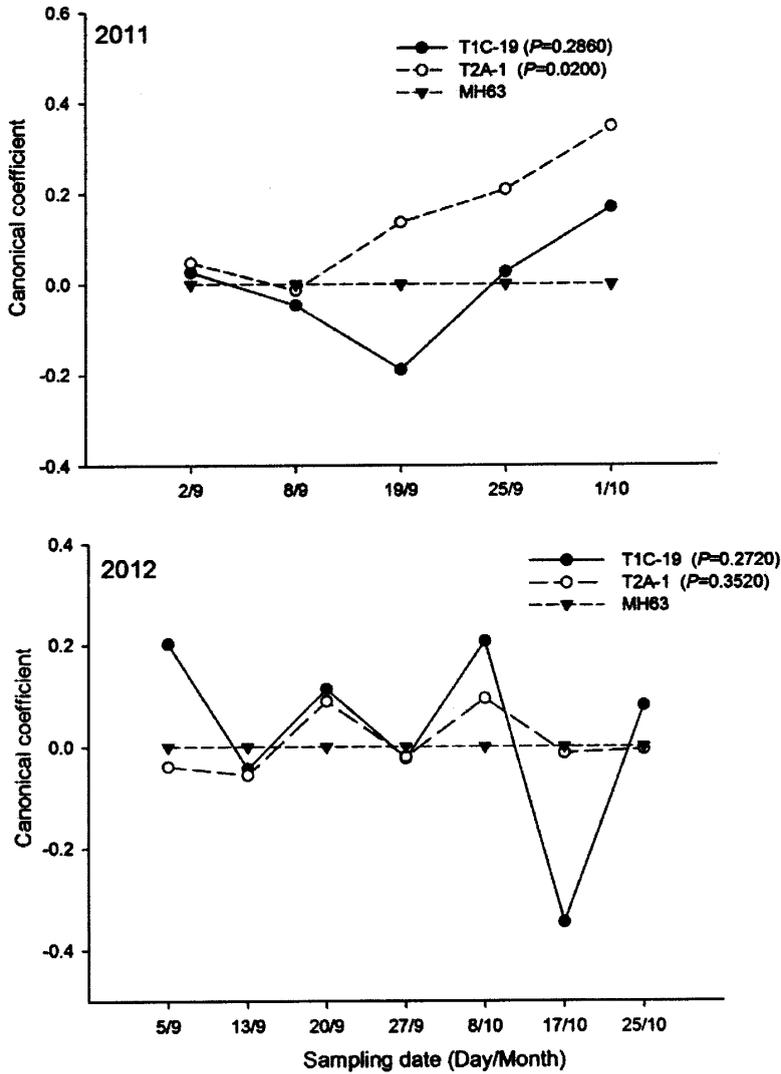


图 7.4 金华试验点 2011 和 2012 年蜘蛛亚群落对 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照 (MH63) 响应的 PRC 分析

Fig 7.4 PRCs and species weights of the unsprayed non-*Bt* (T1C-19 and T2A-1) and *Bt* rice (MH63) at Jinhua in 2011 and 2012.

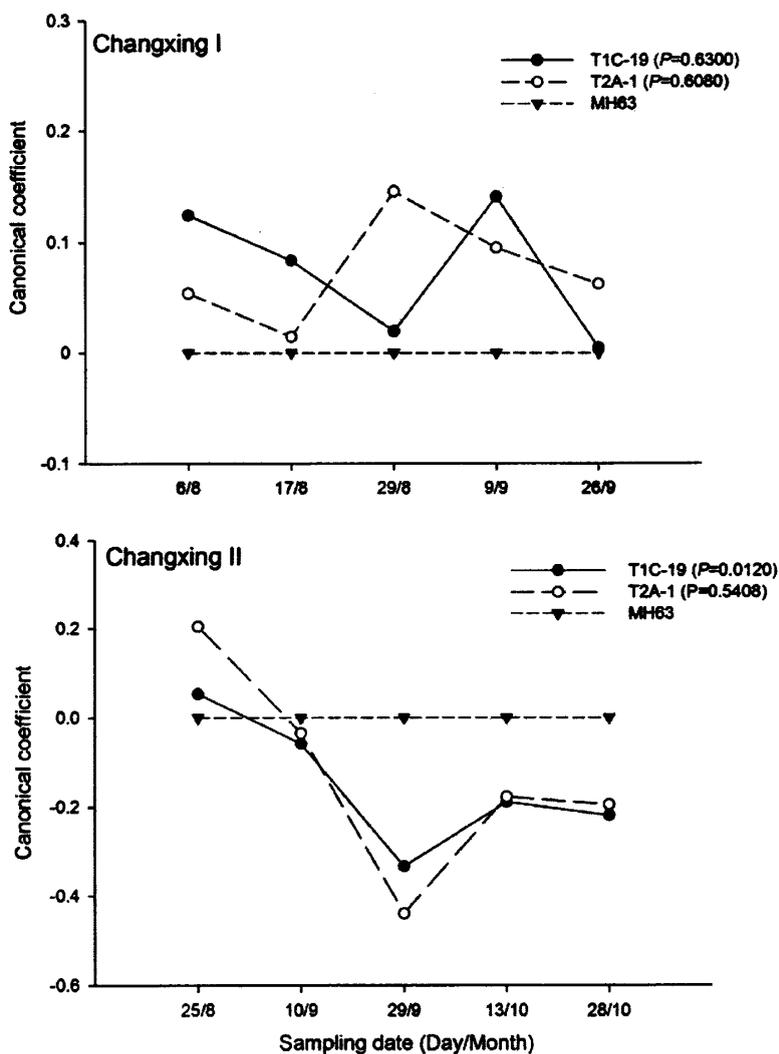


图 3.9 长兴 I 和 II 试验点 2012 年蜘蛛亚群落对 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照 (MH63) 响应的 PRC 分析

Fig.7.5 PRCs and species weights of the unsprayed non-*Bt* (T1C-19 and T2A-1) and *Bt* rice (MH63) at Changxing I and Changxing II in 2012

表 7.9 2011-2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照 (MH63) 之间物种权重的年度变化

Table 7.9 Species weight identified from PRCs analysis

species	拉丁学名	Jinhua		Changxing I	Changxing II
		2011	2012		
食虫瘤胸蛛	<i>Oedothorax insecticeps</i>	-0.2647	-0.3235	-2.7225	-0.7115
草间小黑蛛	<i>Erigonidium graminicolum</i>	-0.1681	0.0499	-0.2261	-0.0437
驼背额角蛛	<i>Gnathonarium gibberum</i>	-0.672	-0.1637	0.576	0.3264
齿螯额角蛛	<i>Gnathonarium dentatum</i>	-0.1695	0.6616		
隆背微蛛	<i>Erigone prominens</i>			-0.0852	0.2759
八斑球腹蛛	<i>Theridonn octomacutatum</i>	-3.4431	2.515	-2.8861	1.3739
叉斑巨齿蛛	<i>Enoplognatha japonica</i>		-0.0558	0.0925	-0.0437
四棘球腹蛛	<i>Chrosiothes sudabides</i>	0.0019	0.0041	-0.2302	0.0431
拟环纹狼蛛	<i>Lycosa pseudoamulata</i>	-0.1396	-0.0644	0.1156	1.0153
拟水狼蛛	<i>Pirata subparaticus</i>	-0.0025		0.1409	0.0715
沟渠豹蛛	<i>Pardosa laura</i>				0.2216
星豹蛛	<i>Pardosa astrigera</i>			-0.0541	
锥腹肖蛸	<i>Tetragnatha maxillosa</i>	-0.6882	2.9339	-0.8007	4.0968
圆尾肖蛸	<i>Tetragnatha vermiformis</i>	-0.2584			-0.1979
华丽肖蛸	<i>Tetragnatha nitens</i>	-0.0133	-0.2557	0.1902	-0.0021
四斑据螯蛛	<i>Dyschiriognatha quadrimaculata</i>			-0.0586	0.1824
纵条蝇狮	<i>Marpissa magister</i>	-0.024	-0.0795	-1.0003	0.0749
菱头跳蛛	<i>Bianor hotingchlehi</i>		-0.0945	0.1219	-0.1629
三突花蛛	<i>Misumenops tricuspидatus</i>		-0.1014	1.6046	-0.1173
四点高亮腹蛛	<i>Hypsosinga pygmaea</i>	-0.0747	0.5967	0.5048	-0.2525
黄褐新圆蛛	<i>Neoscona doenitzi</i>		-0.1749		-0.0423
兴起狡蛛	<i>Dolomedes insurgens</i>			-0.071	0.5995
卷叶蛛科	<i>Dictynidae</i>			0.1485	
斜纹猫蛛	<i>Oxyopes sertatus</i>			0.4306	
千岛管巢蛛	<i>Clubiona kurilensis</i>		0.1038	-0.1807	0.0739

### 3 讨论

本章对蜘蛛亚群落的研究结果表明蜘蛛亚群落的组成在 *Bt* 水稻和对照之间相似性比较高, 虽然物种的数目在地点和年代之间有所不同。大多数情况下, 各个种的密度和优势种的时间动态在 *Bt* 水稻和对照之间是一致的, 在个别情况下, 有些物种的密度是存在差异的。群落参数(物种丰富度、Shannon-Wiener 指数、Simpson 优势集中性指数和均匀度指数)及其时间动态大多数情况下也没有受到 *Bt* 水稻的影响。

PRC 分析结果表明 KMD 田块和对照之间的蜘蛛亚群落的差异, 水稻类型可以解释的为 8.1%-14.0%, 取样时间可以解释的为 28.1%-52.0%, 综合五年的结果发现 KMD2 和对照之间的蜘蛛亚群落存在显著差异, 但是 KMD1 和对照之间是相似的, 水稻类型可以解释的为 6.9%, 取样时间可以解释的为 74.6%。可见, 蜘蛛亚群落在 *Bt* 水稻和对照之间的不同可能是由于取样时间所导致的。G6H1 和对照之间的 PRC 分析也表明, 蜘蛛亚群落在长兴 I 试验点的 2010 年和长兴 II 试验点的 2011 年存在差异, 从整个试验来看, 水稻类型可以解释的为 6.6%-13.5%, 取样时间可以解释的为 20.9%-68.9%。T1C-19、T2A-1 和对照田 PRC 分析也说明, 金华试验点的 2011 年 T2A-1 和对照以及长兴 II 试验点 2012 年的 T1C-19 和对照之间的蜘蛛亚群落存在差异, 从整个试验来看, 水稻类型可以解释的为 12.0%-25.8%, 取样时间可以解释的为 26.3%-47.0%。总之 *Bt* 水稻和对照之间的差异水稻品种所能解释的比较少, 大部分是由于取样时间所引起的。

蜘蛛是稻田生态系统中的重要捕食类群, *Bt* 水稻的应用应该融入到害虫综合治理的框架之内, *Bt* 水稻应该和生物防治有机结合起来。本章的研究结果表明 *Bt* 水稻不会影响到蜘蛛亚群落的结构, 极个别物种在 *Bt* 水稻和对照之间存在差异, 一方面可能是因为水稻植株体内所表达的 *Bt* 蛋白对鳞翅目害虫有致死效应, 导致猎物数量的减少, 那么会影响到蜘蛛种群的数量, 然而蜘蛛的猎物范围比较广, 可以寻找替代猎物来满足营养的需求; 第二个方面是 *Bt* 蛋白可以通过食物链对蜘蛛产生影响, Chen 等的结果表明 *Bt* 蛋白可以在取食 *Bt* 水稻的稻纵卷叶螟体内检测到, 并且以此为猎物的拟水狼蛛若蛛的发育历期也比对照显著性的延长, 但是第一个卵囊的卵量和卵的孵化率并没有受到影响, 而且拟水狼蛛中肠细胞膜上也不存在和 Cry1Ab 蛋白结合的受体, 田间的结果也说明该蛛的种群密度也没有受到 *Bt* 水稻的影响(Chen et al. 2009), 另外, 取食 *Bt* 水稻的褐飞虱若虫体内也可以检测到 *Bt* 蛋白, 但是以此为猎物的食虫瘤胸蛛和拟环纹豹蛛的发育、存活、产卵量、捕食功能或种群密度并没有受到影响(Tian et al. 2010, Tian et al. 2012a)。

总之, *Bt* 水稻对蜘蛛亚群落没有负面的影响, *Bt* 水稻能和生物防治融合到一起, 共同调节害虫种群数量。但是, 也应该看到, 文章中我们只是采取了一种方法来研究蜘蛛物种的种群动态, 以后可以采用陷阱法对蜘蛛在田间的扩散规律和消长动态进行研究, 同时要采用和分子生物学相结合的方法增强对田间蜘蛛捕食功能的研究。

表 7.1 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间每种蜘蛛整个取样时间密度的年度变化

Table 7.1 Seasonal densities of each species of spiders collected by the vacuum-suction machine from *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice plots (KCK)

Species	2008			2009			2010			2011			2012			$F_{3,60}$	$P$
	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK		
食虫瘤胸蛛	1.04±0.10a	1.32±0.22a	0.68±0.22b	0.04±0.04	0.24±0.12	0.24±0.19	0.04±0.04	0.04±	0	0	0.06±0.06	0	1.17±0.17b	0.66±0.10c	1.83±0.30a	0.14	0.873
草间小黑蛛	0.28±0.23	0	0.08±0.08	0.12±0.12	0.08±0.05	0.12±0.08	0.32±0.14a	0b	0.24±0.15ab	0.09±0.03	0	0.09±0.03	0.11±0.03	0.17±0.07	0.20±0.09	2.67	0.077
驼背额角蛛	0.76±0.16	0.44±0.21	0.72±0.14	0.16±0.07b	0.04±0.04b	0.64±0.29a	0.28±0.08	0.12±0.12	0.20±0.20	0	0.03±0.03	0	0.17±0.05	0.46±0.08	0.34±0.15	1.92	0.155
齿整额角蛛	0.20±0.13	0.44±0.17	0.16±0.12	0.12±0.05b	0.20±0.13b	0.68±0.33a	0	0.04±0.04	0.28±0.19	0.03±0.03	0.06±0.03	0.09±0.06	0	0	0	2.41	0.099
隆背微蛛	0.12±0.05a	0b	0b	0	0	0	0	0	0	0	0.03±0.03	0	0.03±0.03	0.03±0.03	0.03±0.03	2.05	0.138
八斑球腹蛛	13.08±1.70ab	15.16±2.02a	11.08±2.53b	7.88±1.09	5.88±1.12	10±1.13	2.00±0.54	2.16±0.68	1.52±0.37	0.69±0.11	0.29±0.15	0.77±0.28	1.20±0.29	0.71±0.12	0.74±0.20	0.88	0.491
叉斑巨齿蛛	0	0	0.08±0.08	0	0.04±0.04	0	0.32±0.08	0.32±0.17	0.48±0.08	0.23±0.13	0.09±0.06	0.26±0.07	0.17±0.08	0.14±0.06	0.23±0.14	1.70	0.192
四棘球腹蛛	0b	0.04±0.04a	0b	0	0.08±0.05	0	0.04±0.04	0	0.04±0.04	0.06±0.03	0	0.03±0.03	0	0	0.03±0.03	0.05	0.952
拟环纹囊蛛	2.52±0.29a	1.92±0.30ab	1.40±0.34b	0.28±0.08	0.36±0.13	0.28±0.23	0.48±0.10	0.12±0.05	0.12±0.08	0.80±0.17	0.71±0.13	0.94±0.22	1.54±0.19	1.89±0.34	1.91±0.38	1.51	0.228
拟水狼蛛	0.08±0.05b	0.24±0.12ab	0.48±0.59a	0.24±0.07	0.04±0.04	0.24±0.07	0.12±0.05	0.04±0.04	0.04±0.04	0	0.11±0.05	0	0.06±0.06	0.11±0.05	0.14±0.05	1.03	0.362
沟渠豹蛛	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03±0.03	0	0.06±0.03	1.20	0.308
类水狼蛛	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.09±0.09	0	0	0	0	1.00	0.374
星豹蛛	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03±0.03	0	0.03±0.03	0	0	0.50	0.609
锥腹肖蛸	5.44±0.83a	3.36±0.22b	1.76±0.24c	2.76±0.43	2.84±0.35	3.32±0.52	4.04±0.32	5.00±0.43	4.32±0.62	7.66±0.79a	3.49±0.61b	6.00±0.92a	2.00±0.36	1.83±0.39	2.60±0.29	3.89	0.026
圆尾肖蛸	0.04±0.04	0.24±0.15	0.08±0.05	0.80±0.21	0.76±0.17	0.56±0.10	0.44±0.12a	0.04±0.04b	0.12±0.12a	0.09±0.06	0.03±0.03	0.06±0.03	0.06±0.03	0.03±0.03	0	2.02	0.141
华丽肖蛸	0.04±0.04	0.12±0.12	0.08±0.05	0.36±0.18	0.20±0.09	0.16±	0.08±0.05	0.20±0.06	0.04±0.04	0.31±0.14	0.14±0.05	0.11±0.05	0	0.03±0.03	0.17±0.11	0.24	0.784
四斑据蟹蛛	0	0	0	0.04±0.04	0	0	0.16±0.10a	0b	0.04±0.04b	0	0.03±0.03	0	0.06±0.03	0.06±0.03	0.06±0.03	1.51	0.230
纵条蝇狮	0	0.04±0.04	0.04±0.04	0.04±0.04	0	0.04±0.04	0.04±0.04	0	0	0	0.06±0.06	0.03±0.03	0	0.03±0.03	0.03±0.03	0.20	0.818
长腹跳蛛	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03±0.03	0	0	0	0	1.00	0.374
菱头跳蛛	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03±0.03	0.03±0.03	0.06±0.06	0.03±0.03	0.14	0.871
白条据足蛛	0.04±0.04	0.08±0.05	0.04±0.04	0.08±0.08	0.04±0.04	0.04±0.04	0	0.12±0.05	0.04±0.04	0.14±0.06	0.06±0.03	0.09±0.06	0.14±0.08ab	0.03±0.03b	0.17±0.03a	0.11	0.899
波纹花蟹蛛	0	0	0	0.04±0.04	0	0	0	0	0	0	0	0.03±0.03	0.11±0.07	0	0	2.73	0.073
茶色新圆蛛	0.08±0.05	0	0.04±0.04	0.32±0.10	0.24±0.15	0.44±0.35	0.08±0.05	0.12±0.08	0.12±0.05	0	0.03±0.03	0.03±0.03	0.26±0.08	0.17±0.03	0.23±0.07	0.33	0.722

Species	2008			2009			2010			2011			2012			$F_{2,60}$	$P$
	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK	KMD1	KMD2	KCK		
兴起狡蛛	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03±0.03	0	0.03±0.03	0.03±0.03	0	0	1.00	0.374
星狡蛛	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03±0.03b	0.11±0.08a	0b		1.38	0.259
褶管巢蛛	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03±0.03	0.06±0.06ab	0b	0.09±0.06a		1.37	0.262
千岛管巢蛛	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03±0.03	0	0	0	0.03±0.03	0	0.50	0.609

Mean±SE( $n=3$ , No./0.25 m<sup>2</sup>).  $P$  values are caulated based on randomized complete block ANOVA with years as a random factor on arthropod density using Proc Mixed, Values within columns at the same year followed by the same letter are not significantly different based on Tukey's multiple-range test,  $\alpha=0.05$ .  $P$  values in bold indicate that Values have significant differences among rice types.

表 7.2 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间每种蜘蛛整个取样时间密度的年度变化

Table 7.2 Seasonal densities of each species of spiders collected by the vacuum-suction machine from *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110)

Taxa	2010 <sup>a</sup>		2011 <sup>a</sup>		2010 <sup>b</sup>		2011 <sup>b</sup>		2012 <sup>b</sup>		<i>Bt</i> main effect	
	Non- <i>Bt</i>	<i>Bt</i>	Non- <i>Bt</i>	<i>Bt</i>	Non- <i>Bt</i>	<i>Bt</i>	Non- <i>Bt</i>	<i>Bt</i>	Non- <i>Bt</i>	<i>Bt</i>	$F_{1,52}$	$P$
食虫瘤胸蛛	0	0	0.03±0.03	0.03±0.03	0.64±0.19	0.29±0.22	0.10±0.04	0.27±0.08	5.17±0.58	5.85±0.60	0.01	0.916
草间小黑蛛	0.07±0.07	0	0	0	0.24±0.10	0.22±0.02	0.25±0.04	0.12±0.06	0.20±0.07	0.18±0.08	0.81	0.372
驼背额角蛛	0.07±0.07	0.13±0.13	0.06±0.06	0.06±0.03	1.20±0.44	0.29±0.19*	0.68±0.08	0.95±0.28	0.25±0.11	0.13±0.05	1.10	0.299
齿螯额角蛛	0	0	0	0.03±0.03	1.18±0.53	1.13±0.57	0.13±0.05	0.27±0.15	0	0	0.07	0.793
隆背微蛛	0	0	0	0	0.09±0.06	0*	0	0	0	0	4.67	<b>0.035</b>
八斑球腹蛛	6.00±0.81	3.60±1.78*	1.37±0.36	1.66±0.31	1.62±0.51	1.24±0.10	0.33±0.06	0.22±0.05	1.13±0.14	1.77±0.16*	0.68	0.415
叉斑巨齿蛛	0	0	0	0.03±0.03	0	0.02±0.02	0.02±0.02	0.03±0.02	0.12±0.16	0.17±0.07	0.53	0.469
四棘球腹蛛	0	0	0	0.09±0.06	0	0.07±0.07	0.05±0.03	0.05±0.03	0.12±0.04	0.25±0.11	1.80	0.185
拟环纹狼蛛	0	0.07±0.07	0	0.20±0.07	0.31±0.05	0.38±0.09	1.38±0.10	2.80±0.36*	1.90±0.26	1.62±0.30	1.59	0.213

Taxa	2010 <sup>a</sup>		2011 <sup>a</sup>		2010 <sup>b</sup>		2011 <sup>b</sup>		2012 <sup>b</sup>		<i>Bt</i> main effect	
	Non- <i>Bt</i>	<i>Bt</i>	$F_{1,52}$	<i>P</i>								
拟水狼蛛	0.07±0.07	0	0.03±0.03	0	0.07±0.07	0.18±0.04	0.10±0.04	0.32±0.11	0.43±0.12	0.82±0.12*	2.09	0.154
沟渠豹蛛	0	0	0	0	0.02±0.05	0	0.05±0.03	0.23±0.09	0.07±0.04	0	0.01	0.929
星豹蛛	0.07±0.07	0	0	0	0.09±0.04	0.02±0.05	0.12±0.04	0.07±0.04	0	0	2.02	0.161
锥腹肖蛸	1.27±0.24	2.87±0.27	1.69±0.10	2.00±0.19*	1.47±0.40	1.73±0.14	1.15±0.08	1.78±0.17*	2.80±0.40	3.77±0.37*	17.55	<0.001
圆尾肖蛸	0.07±0.07	0.33±0.07	0	0	0.13±0.08	0.29±0.19	0.35±0.12	0.32±0.08	0.17±0.05	0.08±0.04	0.96	0.333
华丽肖蛸	0.07±0.07	0	0.09±0.06	0.17±0.11	0.02±0.02	0.11±0.04	0	0.03±0.03	0.03±0.02	0.07±0.30	0.84	0.363
四斑掘螯蛛	0	0	0	0	0	0.07±0.04	0.02±0.02	0	0.03±0.02	0.12±0.04	2.04	0.160
纵条蝇狮	0	0	0.03±0.03	0	0.27±0.04	0.69±0.46	0.22±0.07	0.53±0.11*	0.30±0.11	0.37±0.12	1.30	0.260
黑色蝇虎	0	0	0	0	0.04±0.04	0	0	0	0	0	2.04	0.159
条纹蝇虎	0	0	0	0	0.04±0.04	0*	0	0.02±0.02	0	0	0.31	0.579
长腹跳蛛	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02±0.05	0.44	0.510
菱头跳蛛	0	0	0	0	0.02±0.02	0.09±0.04	0.17±0.04	0.18±0.05	0.05±0.03	0.08±0.04	0.55	0.461
三突花蛛	0	0	0.14±0.08	0.06±0.03	0.20±0	0.13±0.04	0.17±0.06	0.10±0.05	0.27±0.07	0.27±0.05	0.63	0.431
波纹花蟹蛛	0	0	0	0	0	0.02±0.05	0	0.02±0.05	0	0	0.66	0.419
四点高亮腹蛛	0	0	0.03±0.03	0.03±0.03	0.24±0.11	0.27±0.07	0.08±0.04	0.17±0.06	0.43±0.07	0.35±0.08	0.11	0.926
黄褐新园蛛	0	0	0.03±0.03	0	0.09±0.02	0.04±0.02	0	0.15±0.08*	0	0	0.04	0.840
兴起狡蛛	0	0	0	0	0	0	0.13±0.04	0.12±0.05	0.22±0.08	0.40±0.08*	0.84	0.365
星狡蛛	0	0	0	0	0.09±0.06	0.02±0.02*	0	0	0	0	2.30	0.136
斜纹猫蛛	0	0	0	0	0.04±0.04	0.07±0.07	0	0	0	0	0.40	0.749
斑管巢蛛	0	0.07±0.07*	0	0	0	0	0	0	0	0	5.08	0.029
棕管巢蛛	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03±0.02	0.05±0.05	0.03	0.873
千岛管巢蛛	0	0	0.03±0.03	0	0	0	0.03±0.03	0.27±0.11*	0.20±0.05	0.15±0.05	0.04	0.841
幽灵蛛科	0	0	0	0	0.02±0.02	0	0	0.02±0.02	0.02±0.02	0	0.29	0.591

Taxa	2010 <sup>a</sup>		2011 <sup>a</sup>		2010 <sup>b</sup>		2011 <sup>b</sup>		2012 <sup>b</sup>		Bt main effect	
	Non-Bt	Bt	Non-Bt	Bt	Non-Bt	Bt	Non-Bt	Bt	Non-Bt	Bt	F <sub>1,52</sub>	P
巨蟹蛛科	0	0	0	0	0	0.02±0.02	0	0	0	0	2.04	0.159
漏斗蛛科	0	0	0	0	0	0	0.03±0.02	0.03±0.02	0	0	0.00	1.000

Mean±SE(n=3, No./0.25 m<sup>2</sup>). P values are caulated based on randomized complete block ANOVA with years and sites as a random factor on arthropod density using Proc Mixed, Values within columns at the same year followed by The asterisk \* are significantly different based on Student's t test, P=0.05. P values in bold indicate that values have significant differences between Bt (G6H1) and non-Bt rice (XS110) plots.

表 7.3 2011-2012 年 Bt 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间每种蜘蛛整个取样时间密度的年度变化

Table 7.3 Seasonal densities of each species of spiders collected by the vacuum-suction machine from Bt (T1C-19 and T2A-1) and non-Bt rice plots (MH63)

Taxa	2011 <sup>a</sup>			2012 <sup>a</sup>			2012 <sup>b</sup>			2012 <sup>b</sup>			Bt main effect	
	T1C-19	T2A-1	MH63	T1C-19	T2A-1	MH63	T1C-19	T2A-1	MH63	T1C-19	T2A-1	MH63	F <sub>2,42</sub>	P
食虫瘤胸蛛	0b	0b	0.32±0.08a	0.03±0.03	0.06±0.03	0	3.41±0.43	3.16±0.66	4.11±0.39	1.40±0.13a	0.92±0.27b	1.08±0.21ab	3.25	<b>0.049</b>
草间小黑蛛	0	0	0.04±0.04	0.09±0.03a	0.03±0.03ab	0b	0.09±0.04	0.08±0.22	0.07±0.03	0	0.04±0.04	0	0.55	0.583
驼背额角蛛	0.16±0.12ab	0.08±0.05b	0.32±0.16a	0.06±0.03	0.06±0.06	0.06±0.03	0.29±0.07a	0.07±0.04ab	0.04±0.00b	0.08±0.05ab	0b	0.28±0.08a	2.75	0.076
齿螯额角蛛	0.08±0.08	0.04±0.04	0.12±0.12	0.29±0.14a	0.09±0.03b	0.17±0.05ab	0	0	0	0	0	0	0.70	0.502
隆背微蛛	0	0	0	0	0	0	0.01±0.01	0.04±0.02	0.03±0.03	0b	0.08±0.05a	0.04±0.04ab	1.49	0.236
八斑球腹蛛	5.28±0.62a	2.68±0.24b	5.64±0.75a	4.20±0.67	3.57±0.32	3.57±0.35	1.39±0.24	1.47±0.47	2.04±0.30	1.00±0.23	0.80±0.23	1.40±0.32	6.02	<b>0.005</b>
叉斑巨齿蛛	0	0	0	0.09±0.03	0.03±0.03	0.06±0.03	0.01±0.01	0.03±0.03	0	0	0.04±0.04	0	0.25	0.774
四棘球腹蛛	0.04±0.04	0	0	0	0.03±0.03	0.03±0.03	0.05±0.01	0	0.05±0.01	0.04±0.04	0.08±0.05	0.16±0.10	0.66	0.524
拟环纹狼蛛	0.20±0.15	0.12±0.12	0.04±0.04	0.14±0.11	0.23±0.03	0.17±0.03	1.79±0.09	2.16±0.12	2.41±0.21	1.12±0.36	1.28±0.21	1.68±0.46	0.43	0.488
拟水狼蛛	0.04±0.04	0	0	0	0	0	0.15±0.04	0.24±0.10	0.13±0.03	0.08±0.05b	0.20±0.11ab	0.36±0.19a	0.47	0.628
沟渠豹蛛	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0b	0b	0.08±0.08a	0.75	0.479

Taxa	2011 <sup>a</sup>			2012 <sup>a</sup>			2012 <sup>b</sup>			2012 <sup>c</sup>			<i>Bt</i> main effect	
	T1C-19	T2A-1	MH63	T1C-19	T2A-1	MH63	T1C-19	T2A-1	MH63	T1C-19	T2A-1	MH63	<i>F</i> <sub>2,42</sub>	<i>P</i>
星豹蛛	0	0	0	0	0	0	0b	0b	0.01±0.01a	0	0	0	2.50	0.094
锥腹肖蛸	2.20±0.54	2.16±0.46	2.28±0.47	4.31±0.31	2.97±0.43	3.49±0.50	1.09±0.06	1.23±0.19	1.24±0.24	2.28±0.55b	2.32±0.12b	5.20±0.14a	2.90	0.061
圆尾肖蛸	0.48±0.38a	0.04±0.04b	0.08±0.05b	0	0	0	0	0	0	0.04±0.04	0.04±0.04	0	1.02	0.370
华丽肖蛸	0.04±0.04	0.04±0.04	0.08±0.08	0.20±0.07ab	0.06±0.03b	0.23±0.07a	0.03±0.03	0	0	0.04±0.04	0.04±0.04	0.08±0.05	1.32	0.278
四斑据蟹蛛	0	0	0	0	0	0	0.03±0.03	0.03±0.03	0.01±0.01	0b	0.12±0.12a	0b	0.83	0.445
纵条蝇狮	0	0	0.04±0.04	0	0.03±0.03	0.03±0.03	0.45±0.25	0.36±0.18	0.47±0.04	0	0.04±0.04	0.08±0.05	1.15	0.326
菱头跳蛛	0	0	0	0	0	0.03±0.03	0.27±0.07	0.37±0.07	0.31±0.11	0.12±0.08	0.16±0.10	0.04±0.04	0.63	0.537
三突花蛛	0	0	0	0.06±0.03	0.14±0.11	0.06±0.03	0.19±0.11	0.23±0.05	0.11±0.05	0.16±0.07	0.24±0.10	0.32±0.14	0.48	0.623
四点高亮腹蛛	0.04±0.04	0	0.04±0.04	0.11±0.11	0	0	0.51±0.05	0.61±0.28	0.48±0.11	0.44±0.13	0.40±0.11	0.44±0.16	0.19	0.829
黄褐新圆蛛	0	0	0	0	0	0.03±0.03	0	0	0	0	0.04±0.04	0	0.39	0.677
兴起狡蛛	0	0	0	0	0	0	0	0.01±0.01	0.03±0.01	0.08±0.05b	0.56±0.12a	0.44±0.17a	3.92	0.028
卷叶蛛科	0	0	0	0	0	0	0b	0.01±0.01a	0b	0	0	0	2.50	0.094
斜纹猫蛛	0	0	0	0	0	0	0.75±0.13a	0.60±0.18b	0.48±0.05b	0	0	0	2.74	0.076
千岛管巢蛛	0	0	0	0.03±0.03	0	0.03±0.03	0.03±0.01	0.03±0.03	0.05±0.03	0.12±0.05a	0.08±0.05ab	0.04±0.04b	0.33	0.721

<sup>a</sup>: Jinhua <sup>b</sup>:Changxing I <sup>c</sup>:Changxing II

Mean±SE(*n*=3, No./0.25 m<sup>2</sup>). *P* values are caulated based on randomized complete block ANOVA with years and sites as a random factor on arthropod density using Proc Mixed, Values within columns at the same year followed by the same letter are not significantly different based on Tukey's multiple-range test, *P*=0.05. *P* values in bold indicate that values have significant differences among rice types.

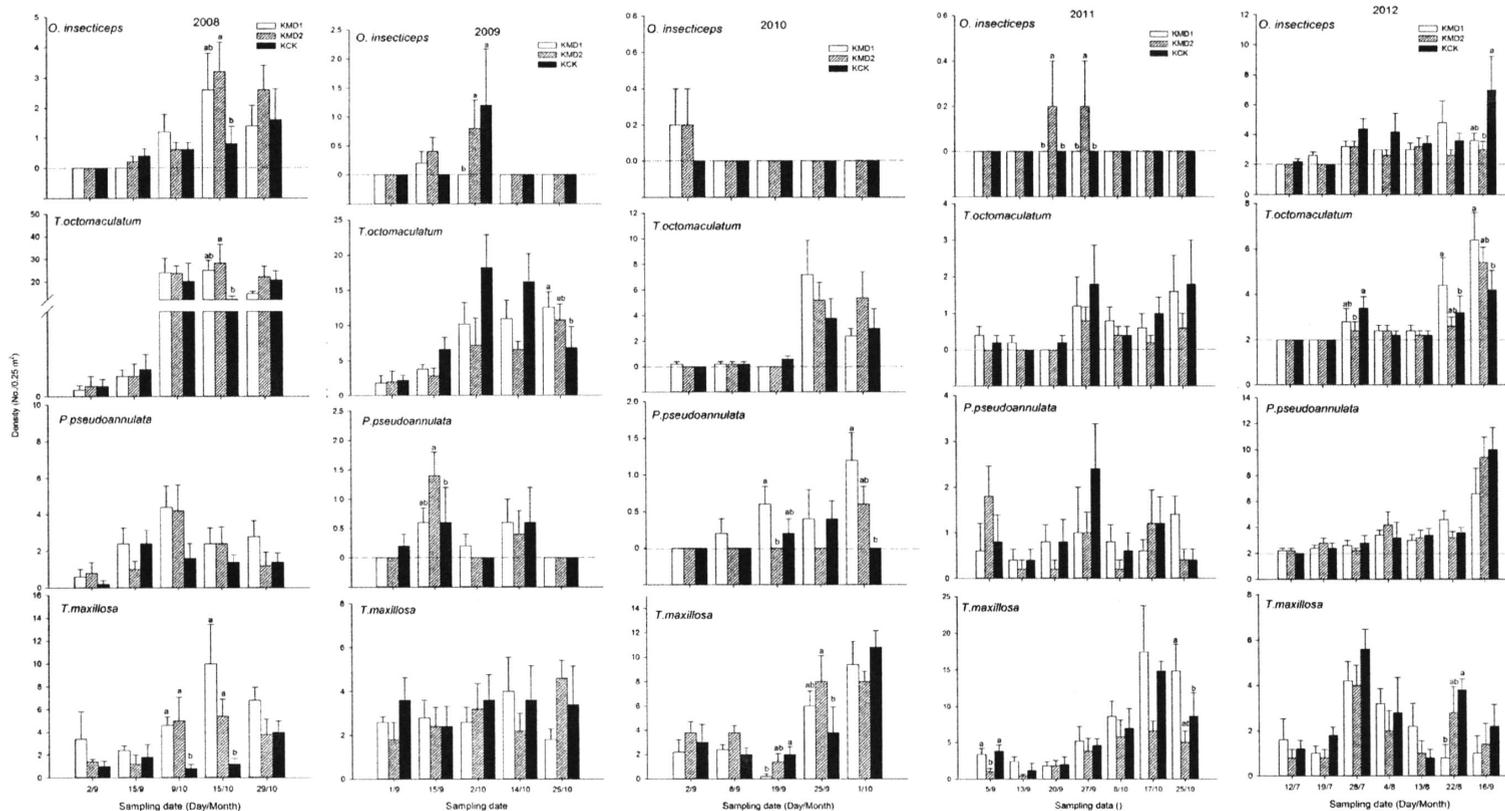


图 7.6 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间优势种密度的时间动态

**Fig.7.6 Temporal dynamics of density of dominant species between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice plots (KCK) at Hangzhou from 2008 to 2012.**

Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

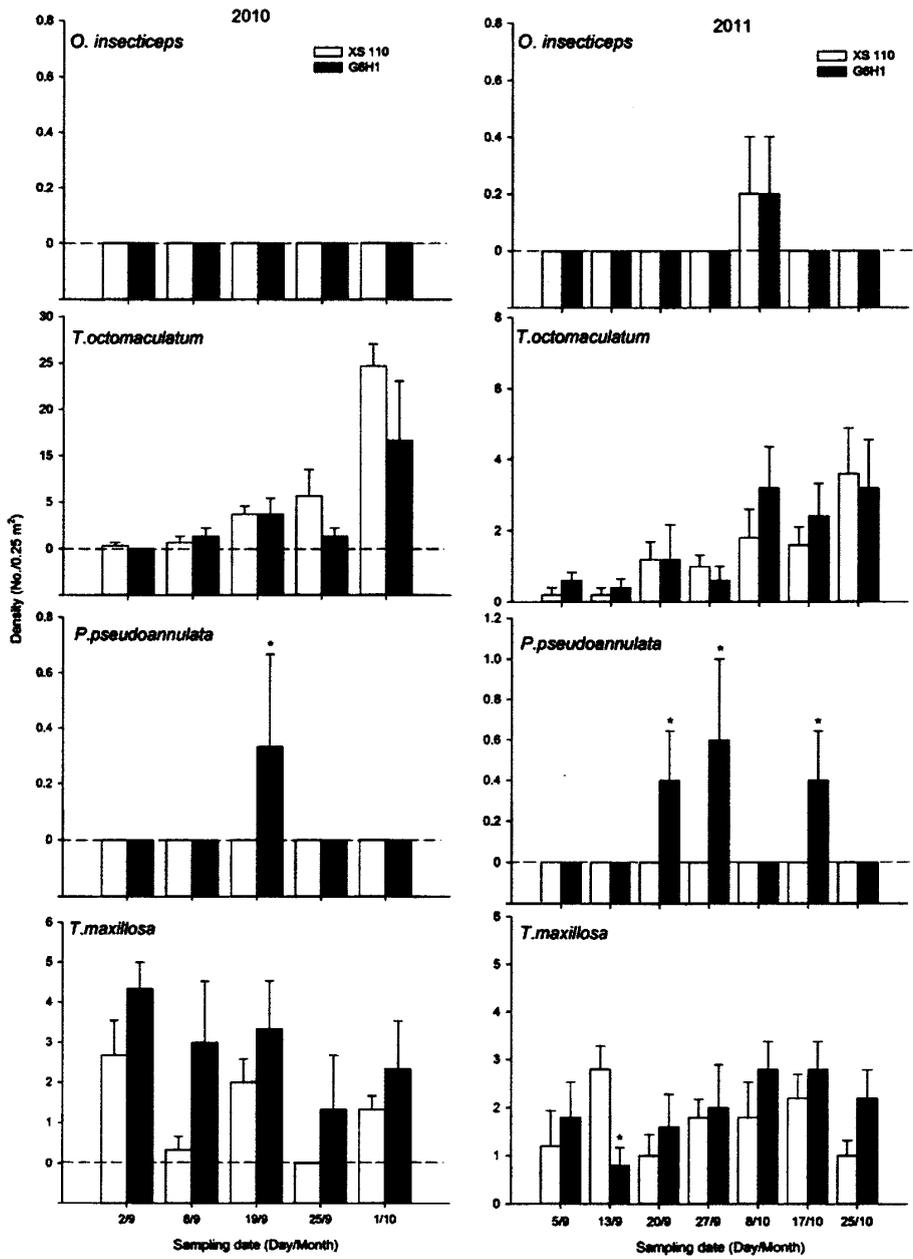


图 7.7 长兴 I 试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间蜘蛛类优势种密度的时间动态

Fig. 7.7 Temporal dynamics of density of dominant species between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing I in 2010 and 2011. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date are significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .

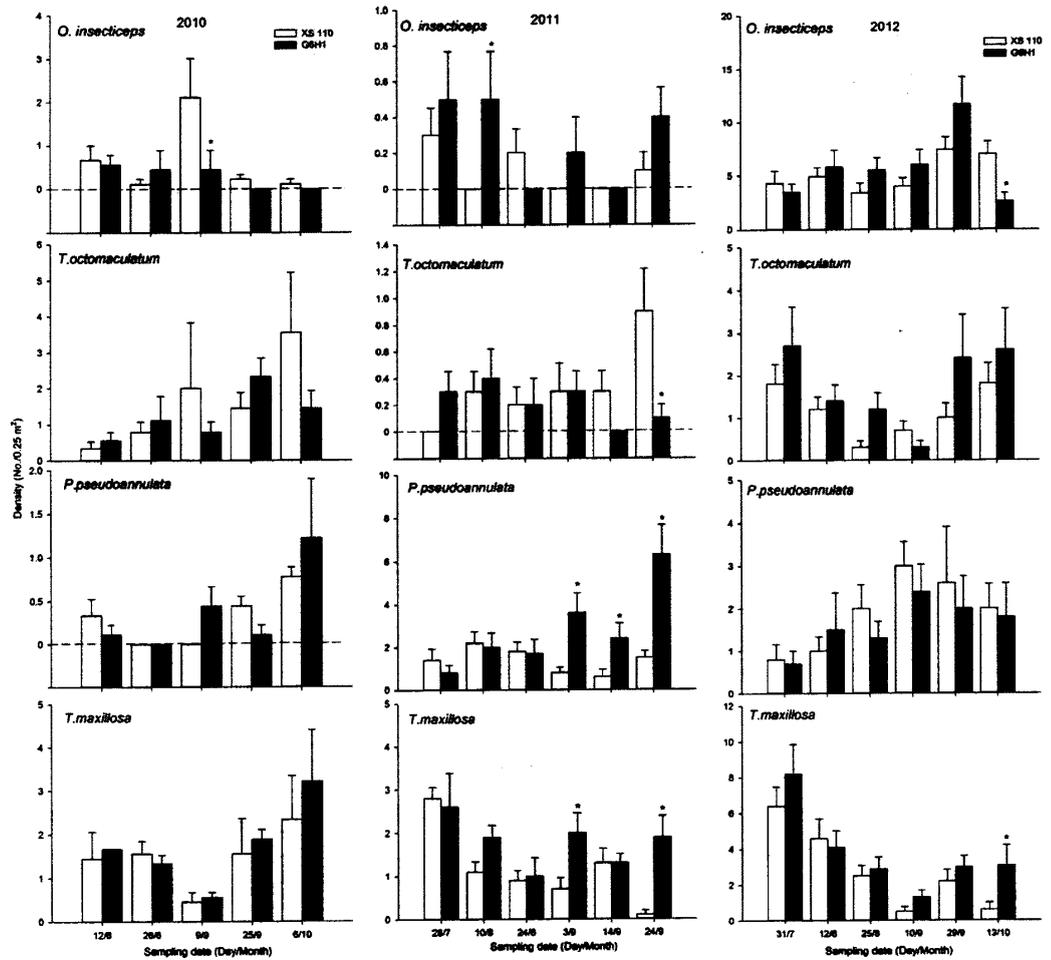


图 7.8 长兴 II 试验点 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间蜘蛛优势种密度的时间动态

Fig.7.8 Temporal dynamics of density of dominant species between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing II in 2010, 2011, and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date are significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .

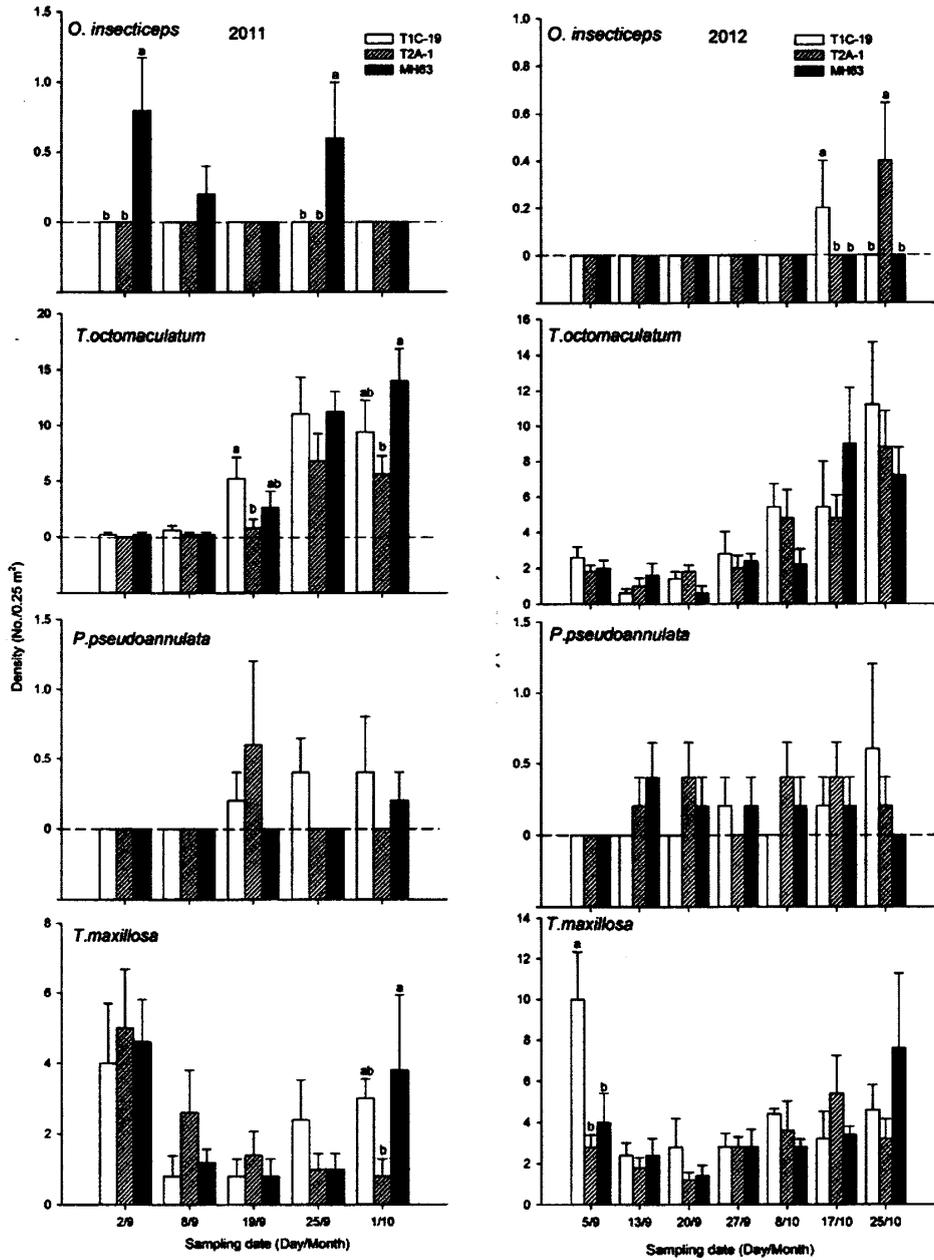


图 7.9 金华试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间蜘蛛类优势种密度的时间动态

Fig.7.9 Temporal dynamics of density of dominant species between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Jinhua in 2011 and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letter on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

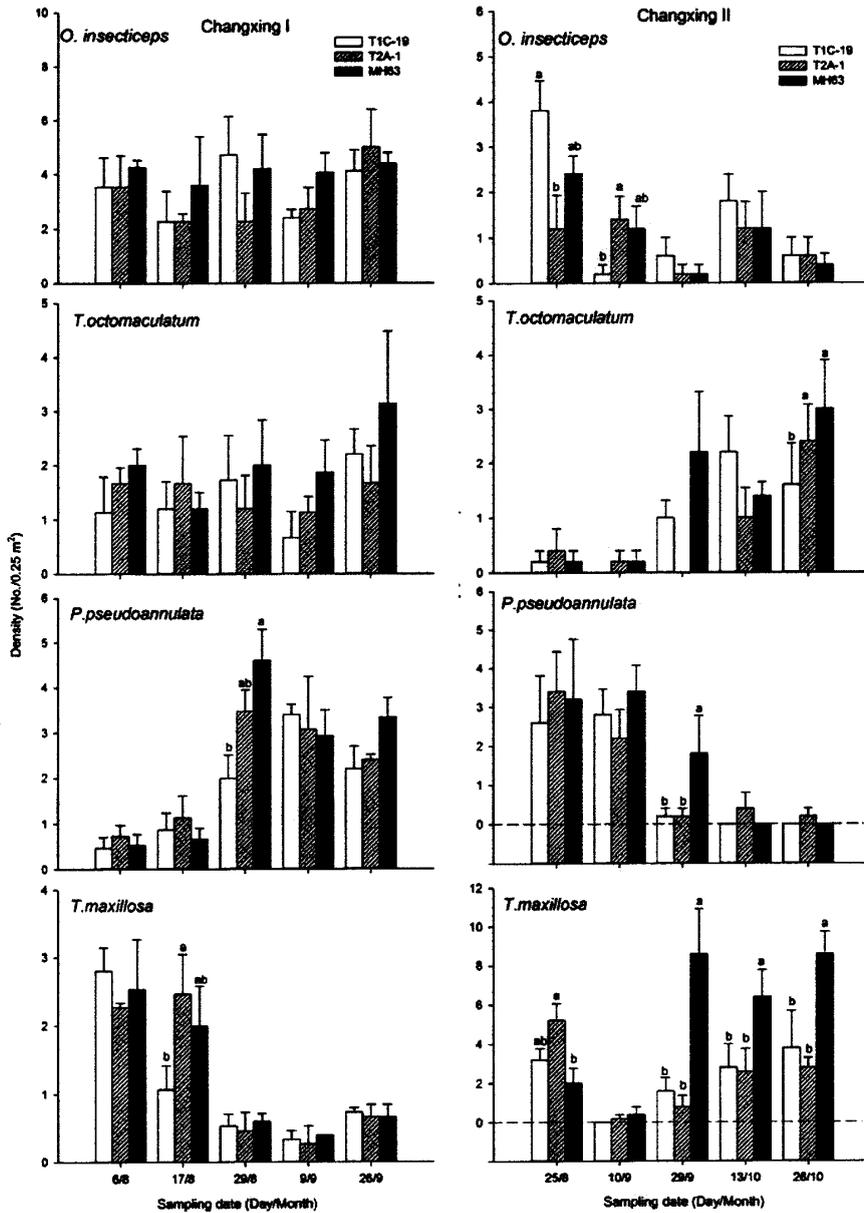


图 7.10 长兴 I 和长兴 II 试验点 2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田(MH63)之间蜘蛛类优势种密度的时间动态

Fig.7.10 Temporal dynamics of density of dominant species between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Changxing I and Changxing II in 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letter on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

## 第八章 四类转基因抗虫水稻对腐食类亚群落及其优势类群数量动态的影响

腐食类昆虫特别是弹尾目的昆虫在植物残体的降解和循环中有着重要的生态功能,而且弹尾目昆虫也是地球上最常见和最丰富的土壤昆虫,同时,当飞虱和叶蝉等优势种类的种群还比较低的时候,跳虫也可以作为替代猎物维持捕食者的营养需要和种群数量,而且弹尾目的昆虫还可以作为环境的指示者(Bai et al. 2012)。当他们在稻田生态系统中,取食 *Bt* 水稻残体时,可能接触到杀虫蛋白,并且前面章节的研究发现,弹尾目的昆虫在不同的水稻品系、年代和地点之间种群数量的变异也比较大,因此深入分析和评价 *Bt* 水稻对弹尾目昆虫种群数量的影响是十分必要的。

### 1 材料和方法

供试材料和方法见第二章

### 2 结果

#### 2.1 非靶标腐食类亚群落类群的组成及其优势度

##### 2.1.1 转 *cry1Ab* 基因梗稻

杭州试验点五年的调查结果表明,非靶标腐食性昆虫主要包括弹尾目(Collembola)的长角跳虫科(Entomobryidae)、等节跳虫科(Isotomidae)、圆跳虫科(Sminthuridae)和球角跳虫科(Hypogastruridae),双翅目Diptera的包括蠓科(Ceratopogonidae)、蛾蠓科(Psychodidae)、蚤蝇科(Phoridae)、粪蚊科(Scatopsidae)、菌蚊科(Mycetophilidae)和粪蝇科(Scathophagidae),鞘翅目(Coleoptera)的水龟甲科(Hydrophilidae)。KMD1、KMD2及其对照之间的各个腐食性类群的优势度随着年份的变化有所不同。总体来说,长角跳虫科、等节跳虫科、圆跳虫科是稻田腐食性昆虫的优势类群。三类优势类群在KMD1、KMD2和KCK所占的比例在2008-2012年分别是0.53%、32.62%、1.38%,14.51%、15.84%、9.30%,61.06%、26.95%、63.57%;2.79%、3.89%、1.96%,83.19%、87.12%、85.06%,4.83%、0.43%、2.40%;10.20%、8.33%、9.72%,65.40%、39.23%、67.18%,15.26%、18.29%、8.95%;4.51%、1.50%、1.59%,60.26%、42.17%、45.85%,32.88%、53.87%、50.22%;4.93%、6.14%、5.71%,0.84%、0.81%、0.80%,92.18%、91.02%、91.36%。

### 2.1.2 转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻

两地三年的调查结果表明, 转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻和对照的腐食性昆虫类群的组成和 KMD 系列相似。G6H1 及其对照之间的各个捕食性类群的优势度随着年份和地点的变化有所不同。总体来说, 长角跳虫科、等节跳虫科、圆跳虫科是稻田腐食性昆虫的优势类群。三类优势类群在长兴 I 试验点 2010 年和 2011 年对照和 G6H1 所占的比例分别是 0.23%、0.86%, 42.82%、19.02%, 34.03%、57.35%; 8.49%、3.40%, 55.69%、78.39%, 27.29%、13.22%; 长兴 II 试验点 2010-2012 年所占的比例分别是 20.97%、63.34%, 4.84%、6.73%, 0.40%、0.00%; 56.92%、79.26%, 0.00%、0.00%, 2.31%、9.39%; 63.57%、72.25%, 0.00%、0.00%, 2.38%、1.44%。

### 2.1.3 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻

三地两年的调查结果表明, 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻和对照的腐食性昆虫类群的组成和 KMD 系列相似。T1C-19、T2A-1 及其对照之间的各个腐食性类群的优势度随着年份和地点的变化有所不同。总体来说, 长角跳虫科、等节跳虫科、圆跳虫科是稻田腐食性昆虫的优势类群。三类优势类群在金华试验点 2011 年和 2011 年 T1C-19、T2A-1 和对照田块所占的比例分别 0.71%、0.65%、1.05%, 12.14%、37.46%、11.52%, 11.43%、0.65%、8.90%; 14.10%、14.36%、12.22%, 52.06%、63.22%、67.56%, 29.46%、13.75%、14.31%; 在 2012 年长兴 I 试验点和长兴 II 试验点的比例分别是 47.27%、48.03%、36.19%, 0.93%、0.54%、0.33%, 0.35%、0.54%、0.45%; 88.11%、83.28%、92.69%, 0.70%、0.00%、0.20%, 0.00%、0.00%、1.26%。

## 2.2 常见优势种群类群密度的时间动态

### 2.2.1 转 *cry1Ab* 基因粳稻

长角跳虫科、等节跳虫和圆跳虫科的密度的时间动态见图 8.6, 从图中可以看出除极个别的取样时间 *Bt* 水稻和对照之间存在差异之外, 总体趋势在 KMD1、KMD2 和对照之间基本上是一致的。

### 2.2.2 转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻

长角跳虫科、等节跳虫和圆跳虫科的密度的时间动态见图 8.7 和 8.8, 从图中可以看出除极个别的取样时间 *Bt* 水稻和对照之间存在差异之外, 总体趋势在 G6H1 和对照之间基本

上是一致的。

### 2.2.3 转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻

长角跳虫科、等节跳虫和圆跳虫科的密度的时间动态见图 8.9 和 8.10, 从图中可以看出除极个别的取样时间 *Bt* 水稻和对照之间存在差异之外, 总体趋势在 T1C-19、T2A-1 和对照之间基本上是一致的。

## 3 讨论

本章的研究结果表明, *Bt* 水稻腐食类亚群落的组成和对照基本相似, 优势类群主要是弹尾目的长角跳虫、等节跳虫和圆跳虫。优势类群的种群密度年度变化发现, 转 *cry1Ab* 粳稻 (KMD) 对等节跳虫的密度有显著性影响, 2011 年 KMD2 系列上的密度显著低于 KMD1 和对照上, 进一步分析发现从 9 月 20 日开始的 5 次取样时间都低于对照和 KMD1, 但是并没有达到显著差异; 转 *cry1Ab/vip3H* 粳稻对三个优势种的种群密度没有显著影响; 金华试验点中, 2011 年, T2A-1 水稻田中的等节跳虫的密度显著高于 T1C-19 和对照田的, 2012 年, T2A-1 等节跳虫的密度显著高于 T1C-19 和对照田的, 圆跳虫的密度则是 T1C-19 显著性的高于 T2A-1 和对照。因此, *Bt* 水稻对弹尾目昆虫的影响因转基因品系、跳虫种类、年代以及地点存在不同, 没有一致的规律性。

前人已经在 *Bt* 水稻对跳虫的影响方面做了大量的研究, 白耀宇等 2005 年采用吸虫器的方法调查发现无论是在水稻灌浆期还是水稻收割后休田期, 转 *cry1Ab* 基因水稻田的灰橄榄长角跳的密度显著高于其对照(白耀宇等. 2006b)。另外, Bai 等通过陷阱法来研究, 水稻休田期, *Bt* 水稻的植株残体对弹尾虫和稻田非靶标生物群落的影响, 稻田优势的弹尾虫是灰橄榄长角跳虫(*Entomobrya griseoolivata* Packard)、球角跳虫 (*Hypogastrura matura*) 和钩圆跳虫 (*Boudetiella christianseni* Banks), 优势弹尾虫的密度和节肢动物生物群落并没有受到 *Bt* 水稻植株残体的影响 (Bai et al. 2010), 综合这些研究表明转 *cry1Ab* 基因的 KMD 对跳虫没有负面的影响。

本章研究中 *Bt* 水稻和对照之间有些类群的种群密度存在差异, 可能是由两方面的原因导致的, 第一, 水稻植株体内的 *Bt* 蛋白对跳虫有直接的毒性, 这种情况是不可能发生的, 由于 *Bt* 蛋白主要的靶标害虫是鳞翅目昆虫, 而且 Bai 等采用模式跳虫白符跳 (*Folsomia candida* Willem) 来研究转 *Bt* 基因水稻对它的影响, 发现它的生长发育以及产卵量和对照没有不同(Bai et al. 2011); 第二个, 取样方法。吸虫器主要是针对生活在水稻植株上的跳虫类

群，陷阱法可以对植株残体和土壤表面的跳虫进行诱集，而且白耀宇等的研究也表明采用吸虫器法发现 *Bt* 水稻上的跳虫的密度显著高于对照(白耀宇等. 2006b)。然而，在水稻生长期，由于需要灌溉，给陷阱法的使用增加了困难，因此以后的研究工作中，在水稻的生长期可以采用吸虫器方法，在水稻生长的后期和收割后的休田期可以采用陷阱法，两种方法结合起来评价转基因水稻对跳虫的影响；第三个方面，*Bt* 基因整合到植物的基因组中去，导致水稻植株发生非预期的变化，可能更适合于跳虫的取食。究竟是什么原因导致这种情况的出现，还需要进一步的研究。

总之，*Bt* 水稻对跳虫的影响在田间条件下，由于受到多方面因素的影响没有得出一个统一的规律，因此，长期的、大面积的、多种取样方法相结合来进行研究是很有必要的，同时应该在室内条件下选用模式昆虫-白符跳来测定上述三种 *Bt* 蛋白的直接毒性。

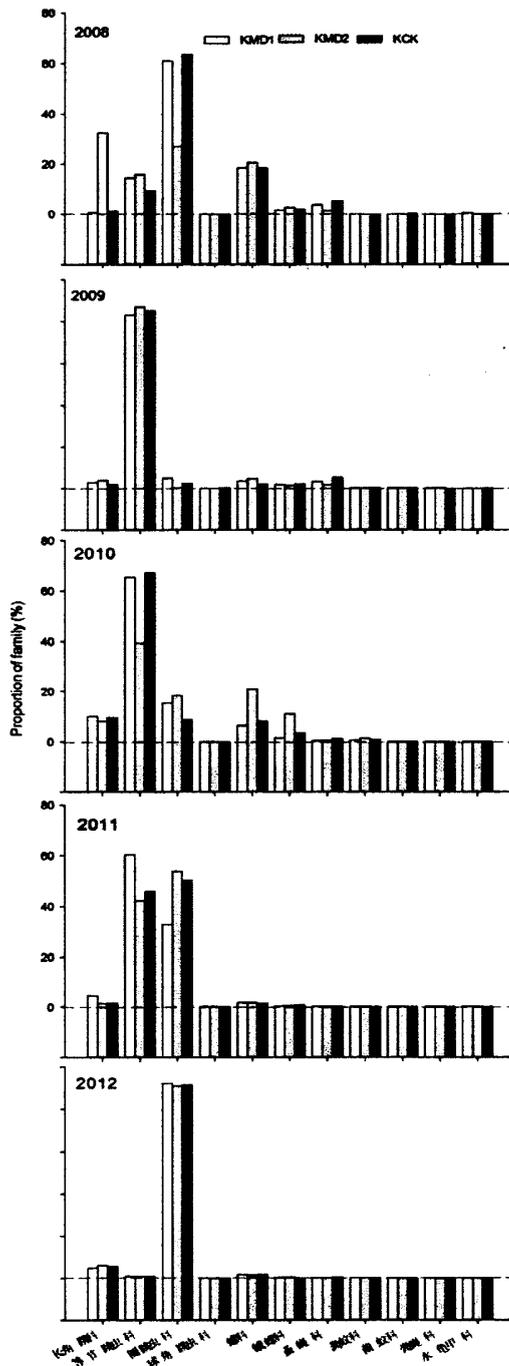


图 8.1 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间腐食类群的组成及其优势度

Fig.8.1 Composition of detritivores sub-communities and their proportion between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice (KCK) at Hangzhou from 2008 to 2012

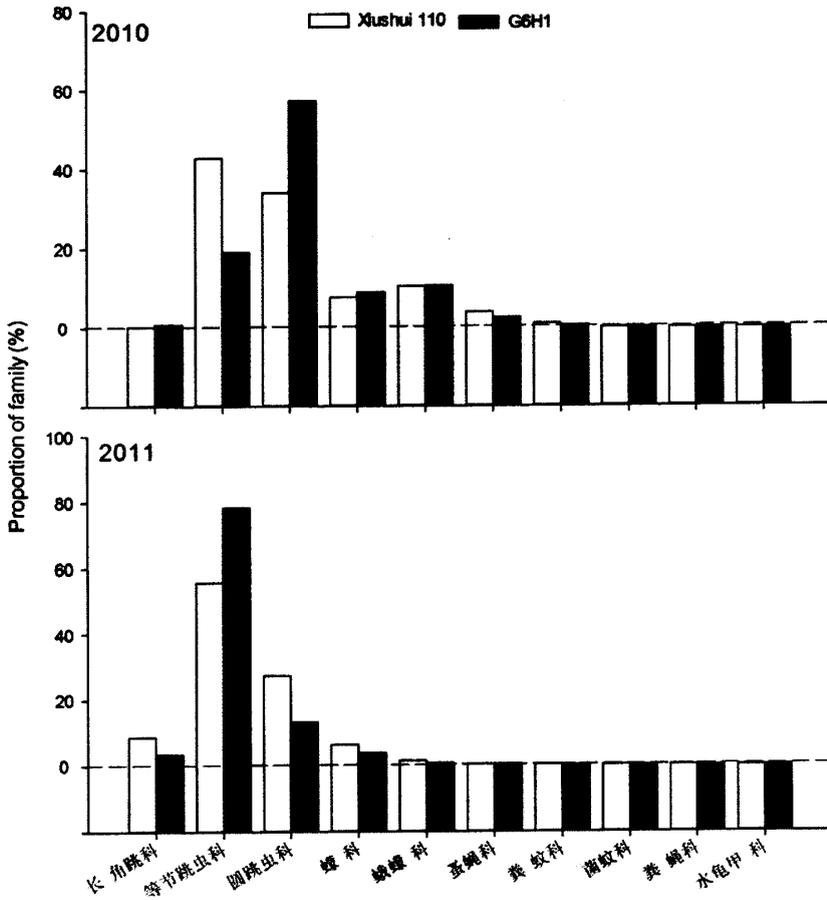


图 8.2 长兴 I 试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (Xushui110) 之间腐食类群的组成及其优势度

Fig.8.2 Composition of detritivores sub-communities and their proportion between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (Xushui110) at Changxing I in 2010 and 2011

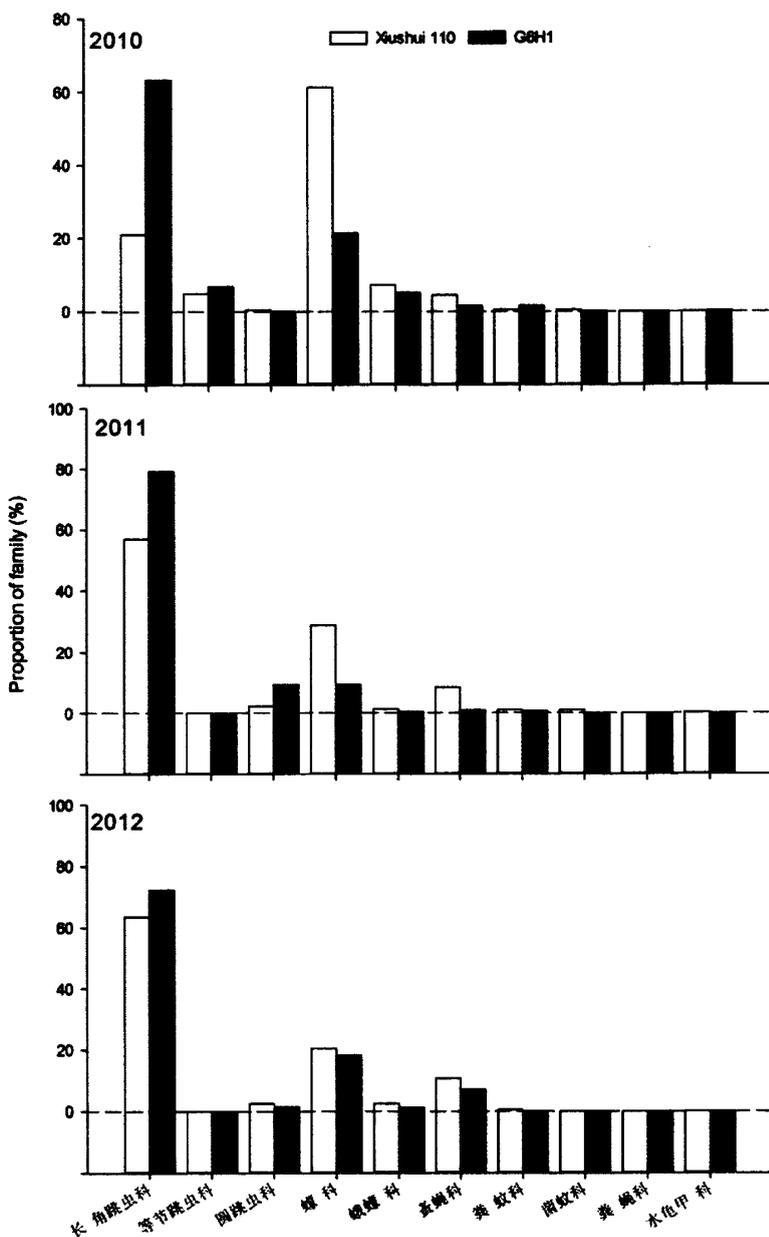


图 8.3 长兴 II 试验点 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (Xiushui110) 之间腐食类群的组成及其优势度

Fig.8.3 Composition of detritivores sub-communities and their proportion between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (Xiushui110) at Changxing II in 2010, 2011, and 2012

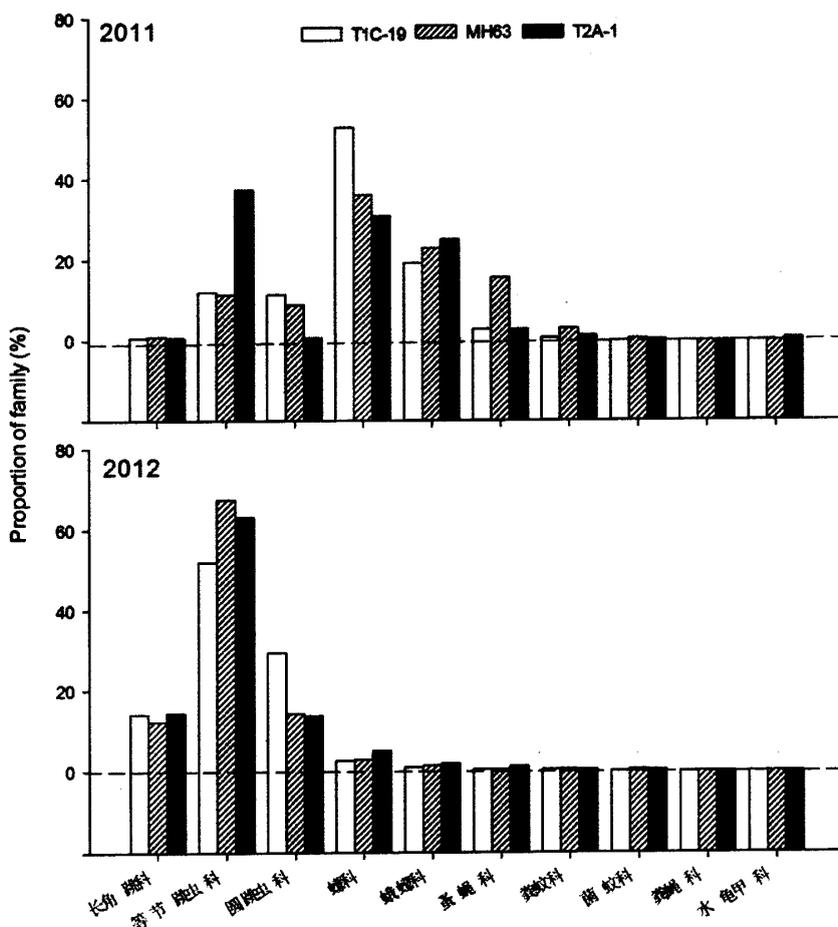


图 8.4 金华试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间腐食类群的组成及其优势度

Fig.8.4 Composition of detritivores sub-communities and their proportion between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) at Jinhua in 2011 and 2012

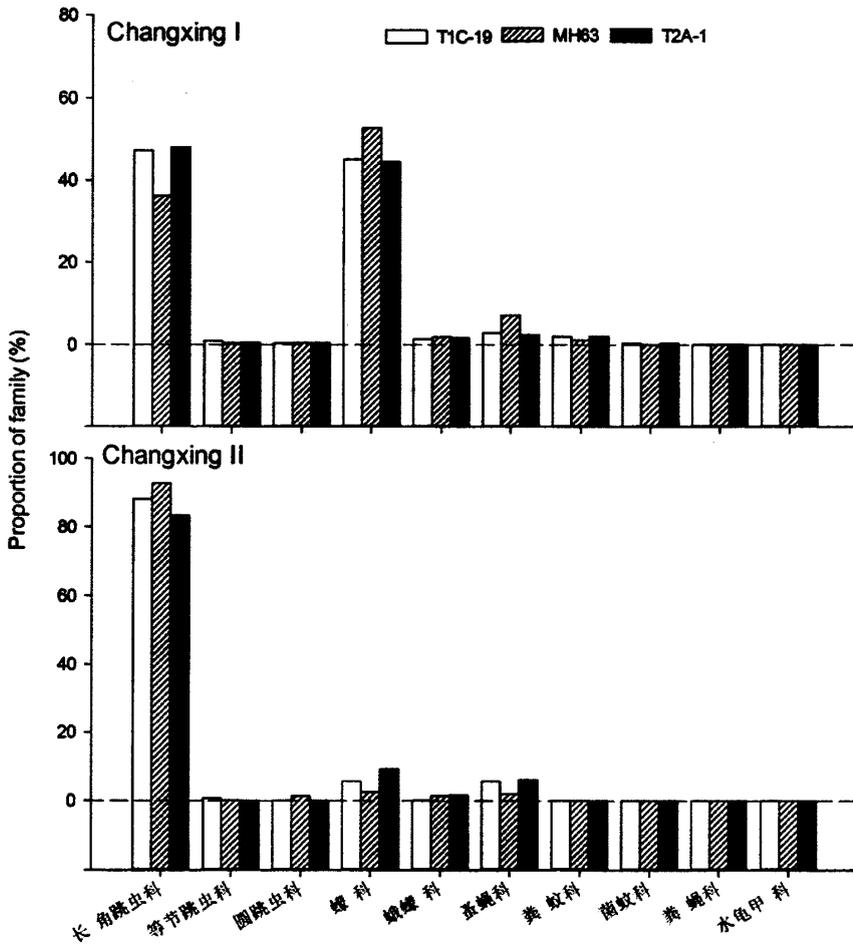


图 8.5 长兴 I 和长兴 II 试验点 2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间腐食类群的组成及其优势度

Fig.8.5 Composition of detritivores sub-communities and their proportion between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) at Changxing I and Changxing II in 2012

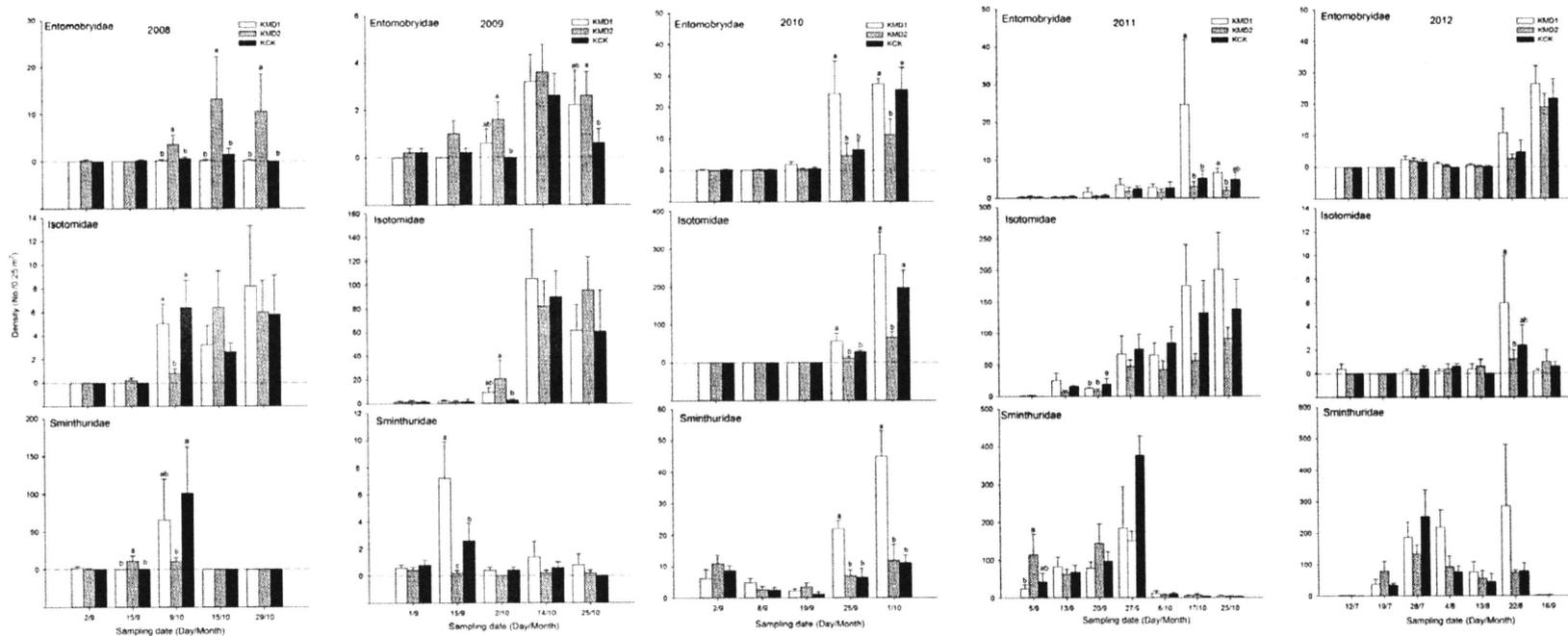


图 8.6 杭州试验点 2008-2012 年 *Bt* 水稻 (KMD1 和 KMD2) 和对照田 (KCK) 之间腐食类优势类群密度的时间动态

Fig.8.6 Temporal dynamics of density of dominant families in detritivores sub-communities between *Bt* (KMD1 and KMD2) and non-*Bt* rice plots (KCK) at Hangzhou from 2008 to 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letters on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

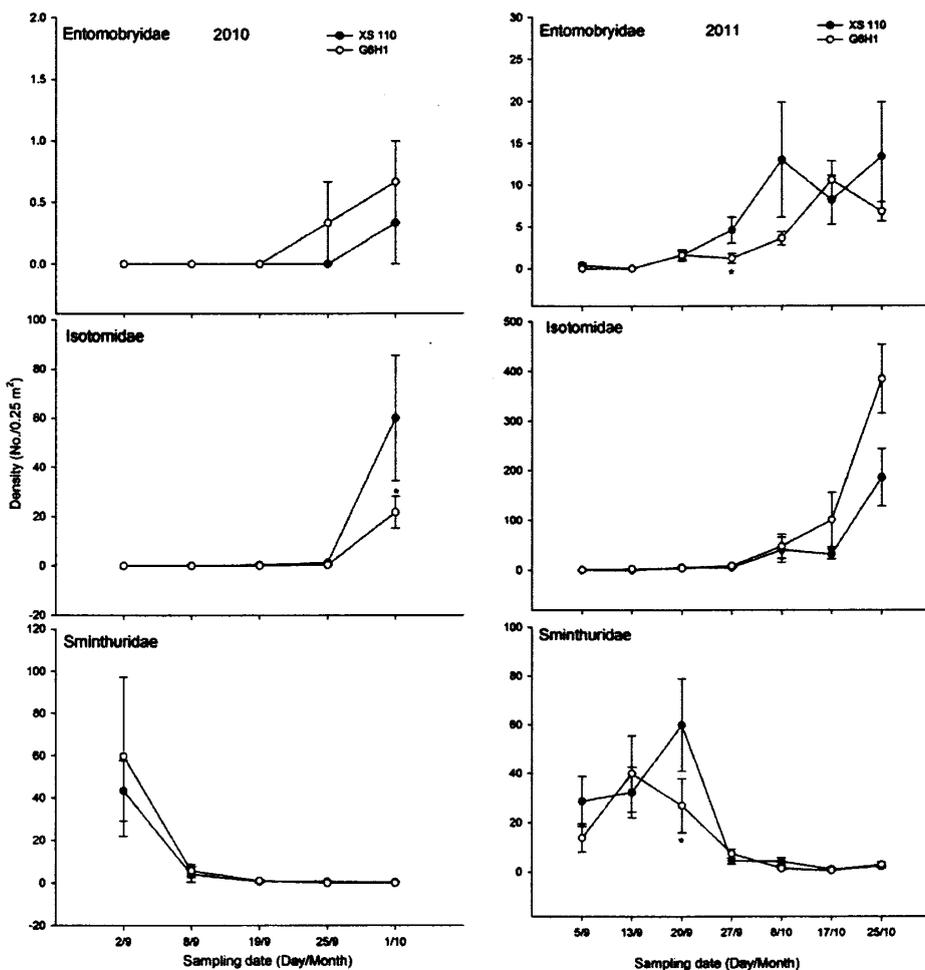


图 8.7 长兴 I 试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间腐食类优势类群密度的时间动态

Fig. 8.7 Temporal dynamics of density of dominant families in detritivores sub-communities between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing I in 2010 and 2011. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date are significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .

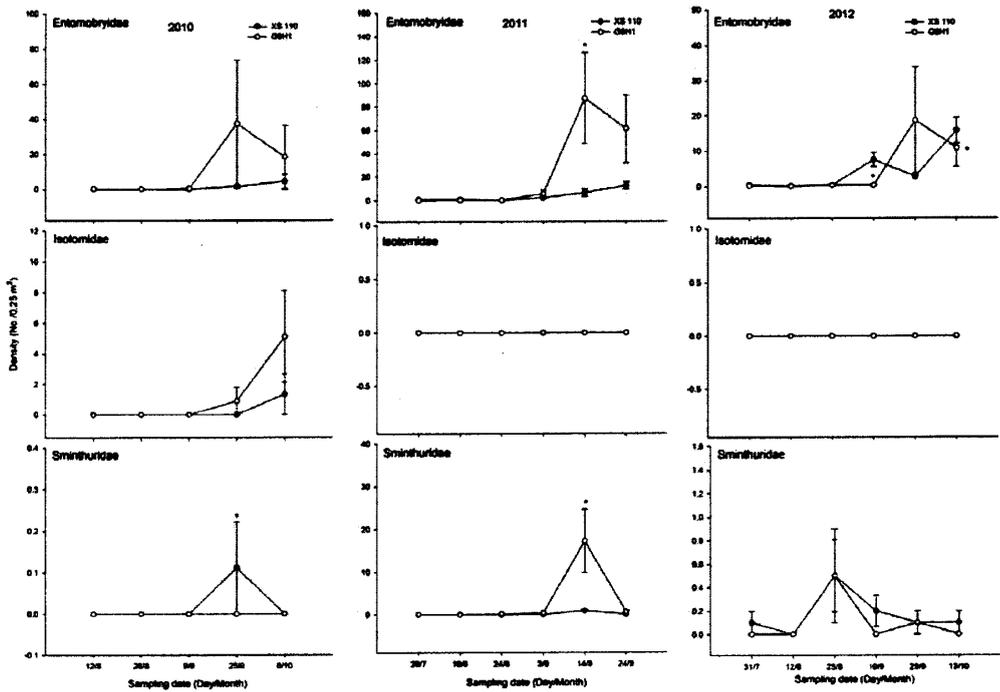


图 8.8 长兴 II 试验点 2010-2012 年 *Bt* 水稻 (G6H1) 和对照田 (XS110) 之间腐食类优势类群密度的时间动态

**Fig. 8.8** Temporal dynamics of density of dominant families in detritivores sub-communities between *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice plots (XS110) at Changxing II in 2010, 2011, and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The asterisk \* on the same sampling date are significantly different based on Student's *t* test,  $P=0.05$ .

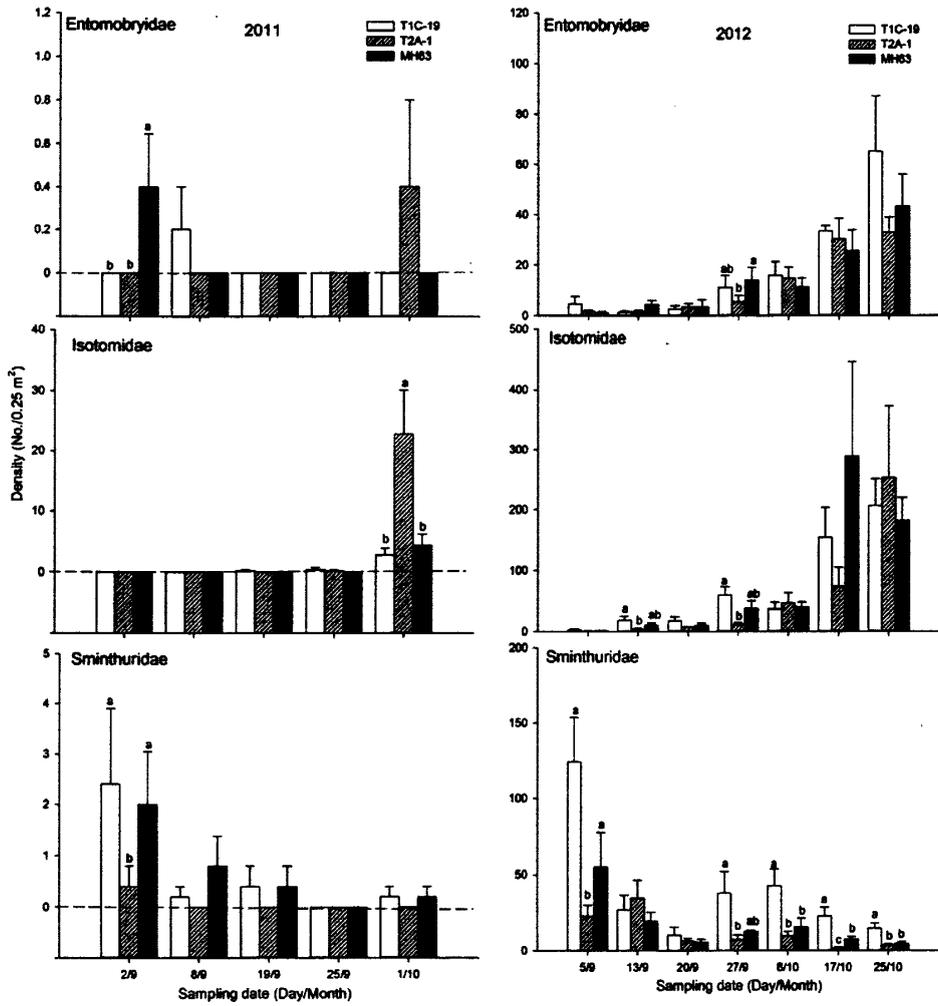


图 8.9 金华试验点 2011-2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间腐食类优势类群密度的时间动态

Fig.8.9 Temporal dynamics of density of dominant families in detritivores sub-communities between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Jinhua in 2011 and 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letter on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

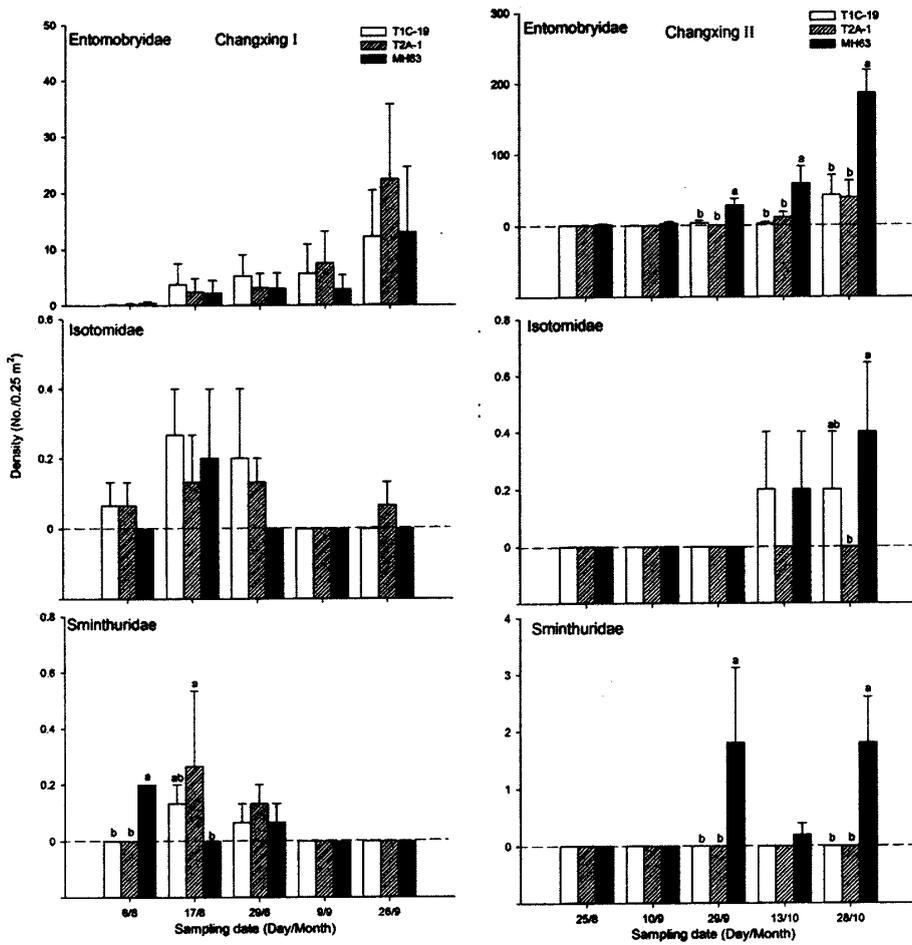


图 8.10 长兴 I 和长兴 II 试验点 2012 年 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)和对照田 (MH63) 之间腐食类优势类群密度的时间动态

Fig.8.10 Temporal dynamics of density of dominant families in detritivores sub-communities between *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice plots (MH63) at Changxing I and Changxing II in 2012. Mean±SE ( $n=3$ ). The same letter on the same sampling dates are not significantly different based on ANOVA (Tukey's multiple-range test,  $P=0.05$ ).

## 第九章 *Bt* 水稻对非靶标害虫-褐飞虱和白背飞虱生长发育与繁殖的影响

水稻螟虫是水稻上的主要害虫,由于螟虫的危害特性和抗药性的产生,传统的方法很难控制水稻螟虫种群的发生,*Bt* 水稻对螟虫有着比较好的控制效果(High et al. 2004, Cohen et al. 2008, Chen et al. 2011),而且可以减少农药的使用量,增加产量 6%-9%,同时减轻农药对农民健康的影响 (Huang et al. 2005)。然而,任何事物都是两面性,如同采用农药来防治褐飞虱,反而促进其种群爆发成灾,自 1980 年以来,褐飞虱在中国每年发生的面积约为 1300 万-2000 万 hm<sup>2</sup>,约占全国水稻面积的 50%,年均损失稻谷 10 亿多 kg (程遐年等. 2003)。Lu 等的研究也表明随着转 *Bt* 基因棉花种植比例的扩大和防治棉铃虫用药量的减少,棉盲蝽象有加重为害的趋势(Lu et al. 2010)。前人对 *Bt* 水稻的研究也发现,*Bt* 水稻对非靶标植食性昆虫的影响也存在不同的效应(Bernal et al. 2002, 陈茂等. 2003, 傅强等. 2003, Chen et al. 2004, 周霞等. 2005, 谭红等. 2006, Akhtar et al. 2010, Wang et al. 2010, Chen et al. 2012, Akhtar et al. 2013)。基于转基因作物评价的个案评估原则,我们在室内条件下,评价了转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻 G6H1 对白背飞虱以及转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻 T1C-19 和 T2A-1 对褐飞虱生长发育、繁殖、存活和蜜露量的影响,以明确 *Bt* 水稻能否对白背飞虱和褐飞虱的生物学参数产生潜在的影响。

### 1 材料和方法

#### 1.1 供试水稻材料

供试水稻材料主要包括转 *cry1Ab/vip3H* 基因的 G6H1 及其非转基因亲本对照 XS110,转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因的 T1C-19 和 T2A-1 及其亲本对照 MH63,这些材料的详细信息参考第二章材料和方法中的转基因材料。

所有水稻材料播种且移栽于无虫网室内,取移栽后 15 天左右的稻苗用于试验。

#### 1.2 昆虫的饲养

褐飞虱和白背飞虱采集自浙江大学华家池校区农场的试验田,在室内用感虫品种 TN1 连续饲养 3 代后作为供试虫源。室内饲养的条件的是:温度  $28 \pm 1^\circ\text{C}$ 、湿度 70-80% RH、光周期 16:8 (light: dark)、光强度 3500-4000Lux。

#### 1.3 *Bt* 水稻对飞虱生长发育和繁殖的影响

取苗龄在移栽后 15 天左右的水稻材料,在室内用纯净水把根冲洗干净,放入到大玻璃管(直径: 3cm,高: 25cm)中。将怀卵的褐飞虱或白背飞虱雌成虫接入到添加有 20 ml 水

稻营养液 (Zhou and Shi 2007)的大玻璃管中, 每管两头, 每品种五个重复。产卵 24 小时后, 吸出飞虱雌成虫。当卵孵化后, 选取同一天孵化的初孵若虫用于试验, 每管接入初孵若虫一头, 每个品种 64 个重复, 接入若虫之后用尼龙膜进行封口。每天记录若虫的发育历期和死亡数, 当若虫羽化之后, 把在同一水稻品种上饲养的初羽化的雌雄成虫进行配对, 转移到新含有和虫期相同的水稻材料的大玻璃管中。当褐飞虱雌虫开始产卵之后, 每天更换新的水稻苗; 白背飞虱雌虫开始产卵之后, 每隔五天更换水稻苗, 在体式解剖镜下计算所产的卵数。为了计算卵的发育历期, 随机选取同一天产卵的水稻苗, 等到卵开始孵化后, 记录孵化的若虫数和天数。所有的试验在人工气候室中进行, 人工气候室的条件是: 温度  $28 \pm 1^{\circ}\text{C}$ 、湿度 70–80% RH、光周期 16:8 (light: dark)、光强度 3500–4000Lux。

#### 1.4 蜜露量的测定

采用 Pathak et al. 1982 描述的 parafilm 膜 (2 cm×3.5 cm) 用于收集褐飞虱或者白背飞虱雌成虫所产的蜜露量。采用苗龄为移栽后 15 天左右的水稻苗用于试验, 每个水稻品种 30 个重复, 每袋接入 1 头经保湿饥饿 2h 的长翅型雌成虫, 每个小袋单独称重。24 小时后取下小袋, 在分析天平上称重, 两次之间的重量差即是飞虱雌成虫所分泌的蜜露量。

#### 1.5 数据分析

褐飞虱的生长发育、产卵量以及蜜露量的分析采用 SAS 软件的一般线性模型进行分析, 如果水稻品种之间存在差异, 进一步采用 Tukey 的方法进行两两比较。生命表参数: 内禀增长率 ( $r_m$ ), 净生殖率 ( $R_0$ ), 平均世代长度 ( $T$ ), 种群加倍时间 ( $DT$ )和周限增长率( $\lambda$ )的计算和显著性分析基于 Maia et al. (2000)采用 jackknif 方法(Hulting et al. 1990)所编写的 SAS 程度。白背飞虱的相关生物学参数则采用 Student's *t* test 进行显著性分析。所有的分析都采用 SAS9.13 软件, 对所有的显著性分析,  $\alpha=0.05$ 。

## 2 结果

### 2.1 *Bt* 水稻对飞虱存活、生长、发育和繁殖的影响

#### 2.1.1 转 *cry1Ab/vip3H* 对白背飞虱生物学参数的影响

白背飞虱取食转 *cry1Ab/vip3H* 基因水稻 G6H1 及其亲本对照 XS110 的生长发育和繁殖的数据见表 9.1。从表中可以得知卵的发育历期以及一龄若虫和二龄若虫的发育历期以取食 XS110 的白背飞虱显著长于取食转基因水稻品系的。整个雌雄若虫的发育历期均以取食转基因水稻的 G6H1 显著短于取食对照的。但是, 雌成虫的发育历期却以取食转基因水稻品种的

显著长于对照。尽管有些阶段的发育历期在取食转基因水稻品系及其对照之间的白背飞虱之间存在显著差异，但是产卵量在两者之间是相似的。

若虫期的存活率曲线见图 9.1。从图中得知，G6H1 和对照饲养的白背飞虱若虫具有相似的存活率 ( $df=1, \chi^2=2.91, P=0.088$ )。

白背飞虱取食转 *cry1Ab/vip3H* 基因水稻 G6H1 及其亲本对照 XS110 的年龄特征存活率见图 9.2，从图中可以得知，白背飞虱在两者之间的年龄特征存活率具有相似的趋势。

表 9.1 白背飞虱取食 *Bt* 水稻 G6H1 及其对照 XS110 的生物学参数

Table 9.1 Life-history statistics of *Sogatella furcifera* reared on *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110) at 28 °C and 70-80% RH

Parameters	G6H1		XS110		<i>t</i> ; <i>df</i> ; <i>P</i>
	Mean±SE	<i>n</i>	Mean±SE	<i>n</i>	
Development duration (days)					
Egg	6.31±0.05*	85	6.64±0.04	83	23.64; 1, 167; <0.0001
1 <sup>st</sup> instar nymph	2.25±0.16*	61	3.66±0.21	58	6.48; 1, 117; <0.001
2 <sup>nd</sup> instar nymph	2.43±0.08*	60	3.00± 0.14	55	4.21; 1, 113; <0.001
3 <sup>rd</sup> instar nymph	2.50±0.10	58	2.80±0.18	51	1.90; 1, 107; 0.06
4 <sup>th</sup> instar nymph	2.53±0.08	58	3.43± 0.62	49	1.53; 1, 105; 0.13
5 <sup>th</sup> instar nymph	3.28±0.07	58	3.40±0.15	47	0.86; 1,102; 0.39
Total nymphal duration of female	13.97±0.36*	31	16.89±1.10	27	2.68; 1, 56; 0.001
Total nymphal duration of male	11.89±0.17*	27	14.95±0.48	20	6.71; 1, 45; <0.001
Female longevity (days)	17.17±1.13*	31	13.85± 1.14	27	-2.29; 1, 57; 0.03
Male longevity (days)	19.32±2.17	27	15.47±2.31	20	-1.60; 1, 45; 0.12
Fecundity (eggs/female)	95.69±12.46	31	103.63± 20.30	27	0.35; 1, 56; 0.73

Mean ±S.E. (standard error) in the same rows followed by asterisk \* are significantly different at  $P=0.05$  based on Student's *t* test.

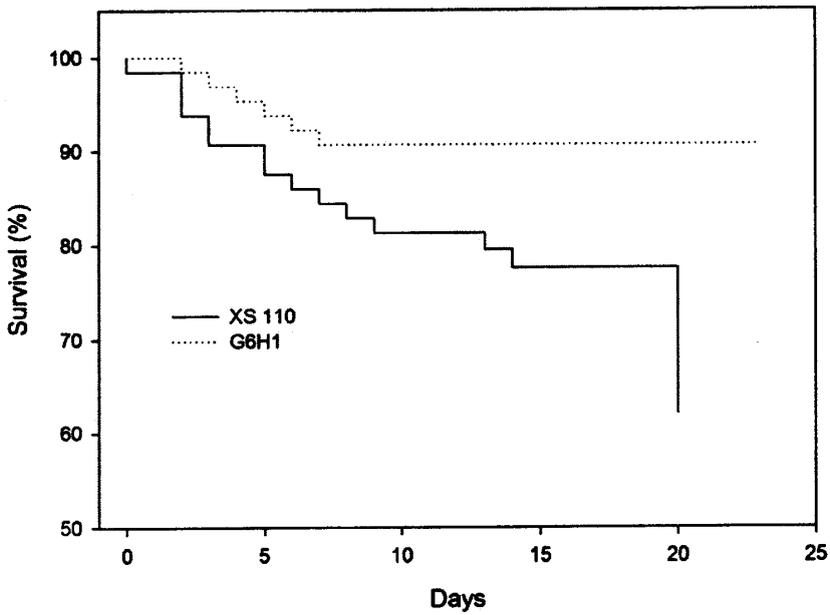


图 9.1 白背飞虱取食 *Bt* 水稻 G6H1 及其对照 XS110 若虫期存活率的比较

**Fig.9.1** Survival of *Sogatella furcifera* nymphs over a 23-day period when fed on *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110). There was no significant difference between *Bt* and the control based on Wilcoxon test.  $n=64$  for G6H1 and XS110, respectively.

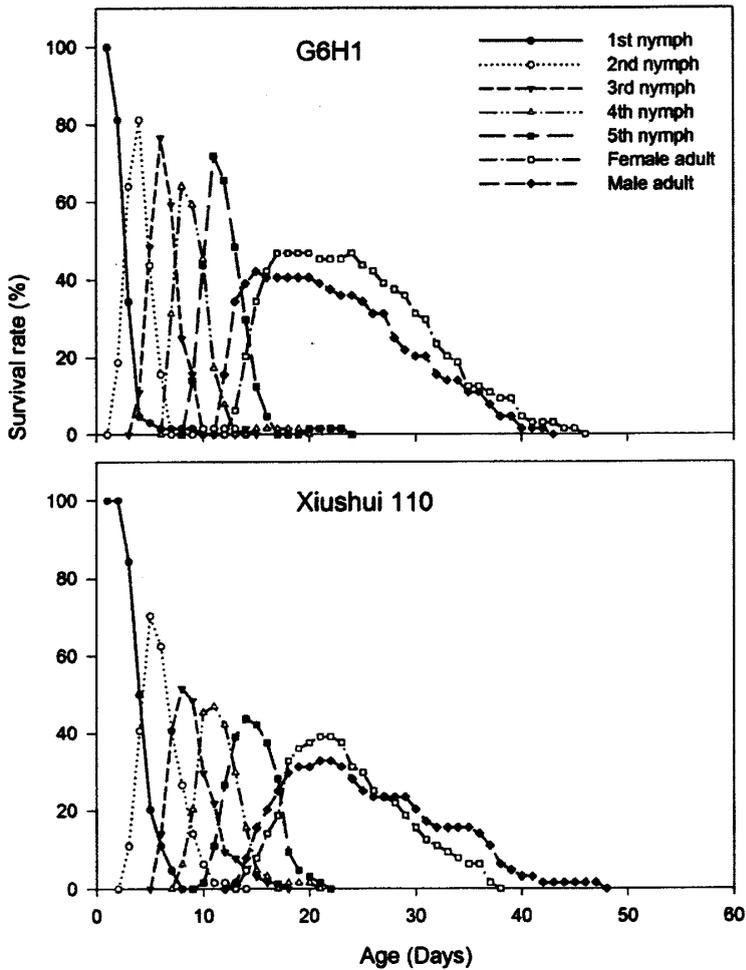


图 9.2 白背飞虱取食 *Bt* 水稻(G6H1)及其对照(XS110)年龄特征存活率的比较

Fig.9.2 Age-stage specific survival rate of *Sogatella furcifera* reared on *Bt* (G6H1) and non-*Bt* rice (XS110) at 28°C and 70-80% RH

### 2.1.2 转 *cry1C* 或 *cry2A* 水稻对褐飞虱生物学参数的影响

褐飞虱取食转基因水稻品种 TIC-19、T2A-1 及其对照 MH63 的相关生物学参数见表 9.2。从表中可以得知，除取食 TIC-19 水稻的褐飞虱 4 龄若虫历期显著长于取食 T2A-1 和 MH63 外，其余各阶段的发育历期和雌成虫的产卵量在水稻品种之间都没有显著差异。

若虫期的存活率曲线见图 9.3。从图中得知，TIC-19、T2A-1 和对照之间饲养的褐飞虱若虫具有相似的存活率 ( $df=2, \chi^2=0.578, P=0.749$ )。

生命表参数见表 9.3。从表中可以得知，在所计算的 5 个种群参数中，水稻品种对这些

参数都没有显著性的影响。

褐飞虱取食转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因水稻 T1C-19、T2A-1 及其亲本对照 MH63 的年龄特征存活率和平均日产卵量见图 9.3 和 9.4，从图中可以得知，褐飞虱在水稻品种之间的年龄特征存活率及平均日产卵量具有相似的趋势。

表 9.2 褐飞虱取食 *Bt* 水稻 (T1C-19 和 T2A-1) 及其对照 MH63 的生物学参数

Table 9.2 Life-history statistics of *Nilaparvata lugens* reared on *Bt* rice (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) under laboratory conditions at 28°C and 70-80% RH

Parameters	T1C-19		MH63		T2A-1		F; df; P
	Mean±SE	n	Mean±SE	n	Mean±SE	n	
Development duration (days)							
Egg	7.50±0.17a	81	7.21±0.06a	82	7.43±0.08a	81	3.11; 2, 243; 0.048
1 <sup>st</sup> instar nymph	1.80±0.06a	63	1.97±0.08a	63	1.94±0.10a	63	1.37; 2, 188; 0.256
2 <sup>nd</sup> instar nymph	1.79±0.08a	61	1.97±0.08a	60	1.85±0.07a	61	1.95; 2, 181; 0.145
3 <sup>rd</sup> instar nymph	2.14±0.09a	59	2.17±0.08a	58	2.08±0.08a	59	0.45; 2, 175; 0.639
4 <sup>th</sup> instar nymph	2.62±0.13a	58	2.22±0.10b	54	2.33±0.08b	58	6.19; 2, 169; 0.003
5 <sup>th</sup> instar nymph	3.44±0.10a	54	3.45±0.10a	53	3.31±0.14a	54	0.76; 2, 160; 0.471
Female nymph to adult	12.04±0.17a	26	12.07±0.20a	28	11.77±0.16a	26	0.83; 2, 79; 0.441
Male nymph to adult	11.48±0.19a	28	11.52±0.20a	25	11.25±0.20a	28	0.57; 2, 80; 0.568
Female longevity	16.04±1.31a	26	14.52±1.80a	28	17.92±1.45a	26	1.61; 2, 79; 0.207
Male longevity	18.13±1.34a	28	20.21±2.55a	25	19.00±2.09a	28	0.47; 2, 80; 0.629
Pre-oviposition period	3.25±0.13a	26	3.25±0.18a	25	3.42±0.19a	26	0.32; 2, 76; 0.728
Oviposition period	14.42±1.51a	26	14.25±1.70a	25	14.92±1.38a	26	0.05; 2, 76; 0.951
Fecundity (eggs/female)	211.75±28.54a	26	269.42±34.30a	25	293.33±28.24a	26	1.89; 2, 76; 0.167

Mean ±S.E. (standard error) in the same rows followed by the same letters are not significantly different at  $P=0.05$  by using Tukey's multiple-range test.

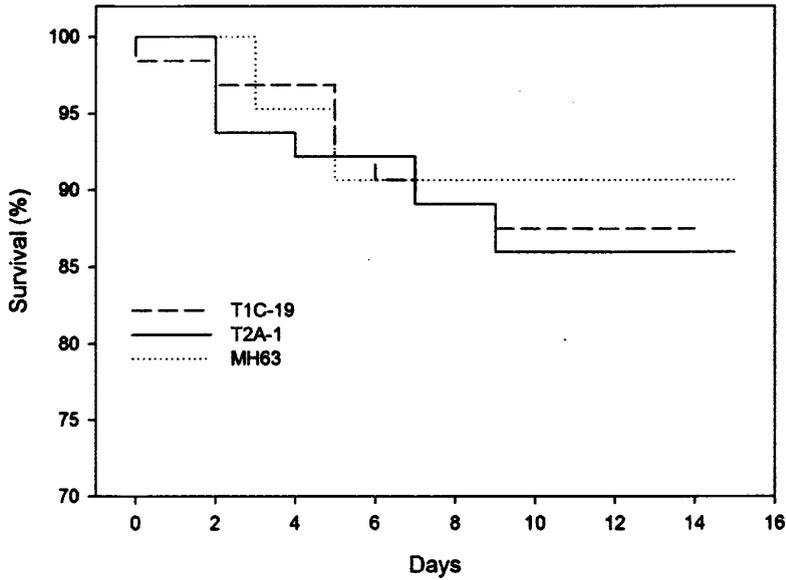


图 9.3 褐飞虱取食 *Bt* 水稻 (T1C-19 和 T2A-1) 及其对照(MH63)若虫期存活率

Fig.9.3 Survival of *Nilaparvata lugens* nymphs over a 16-day period when fed on *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63). There was no significant difference between *Bt* and control treatment based on Wilcoxon test.  $n=64$  for T1C-19, T2A-1 and MH63, respectively.

表 9.3 褐飞虱取食 *Bt* 水稻 (T1C-19 和 T2A-1) 及其对照 MH63 的生命表参数

Table 9.3. Life table parameters of *Nilaparvata lugens* fed on *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) under laboratory conditions

Parameters	T1C-19	MH63	T2A-1
$r_m$	0.18±0.01a	0.19±0.01a	0.1896±0.01a
$R_o$	83.52±11.26a	106.91±10.29a	106.41±13.55a
$T$ (d)	24.96±1.15a	24.29±0.89a	24.65±0.65a
$DT$ (d)	3.90±0.13a	3.60±0.10a	3.65±0.10a
$\lambda$	1.19±0.01a	1.21±0.01a	1.21±0.01a

All life table parameters were calculated using an SAS program written by Maia et al. (2000) using the Jackknife method. Mean ±SE in the same row followed by the same letters are not significantly different at  $P=0.05$ .

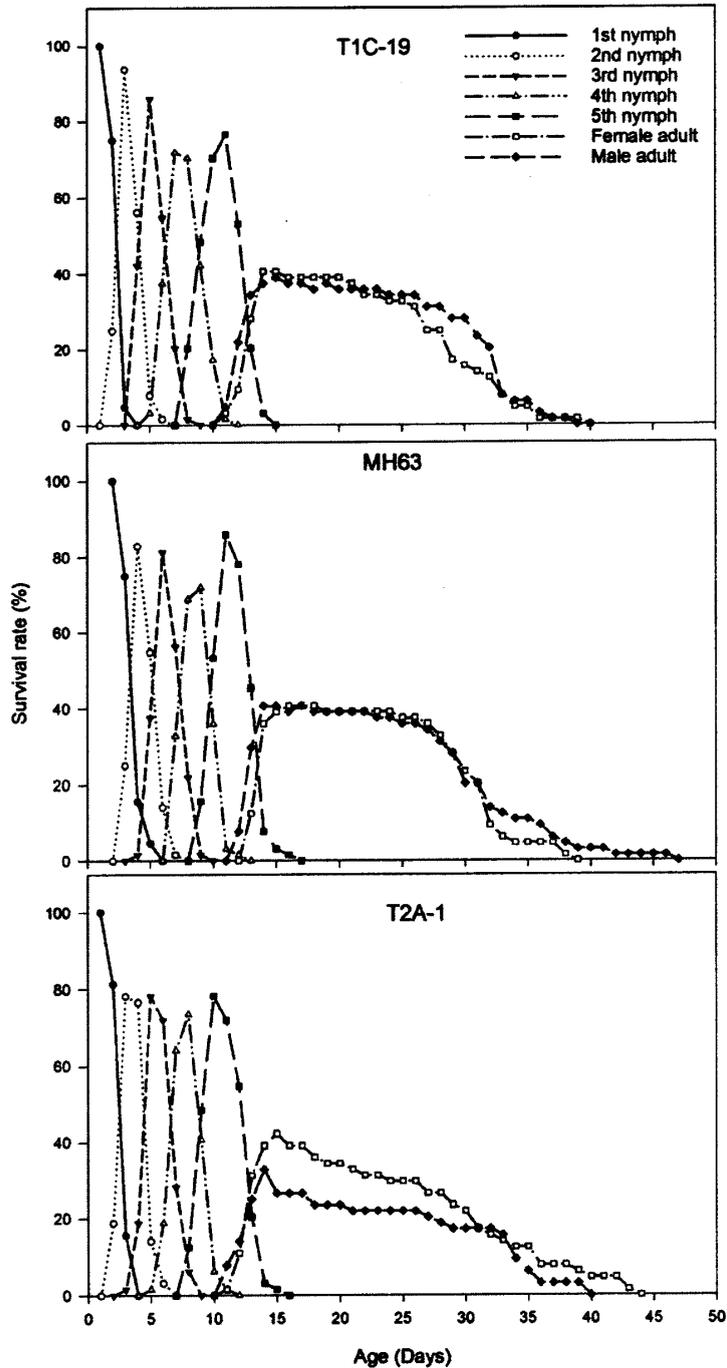


图 9.4 褐飞虱取食 *Bt* 水稻 (T1C-19 和 T2A-1) 及其对照 MH63 的年龄特征存活率

Fig.9.4 Age-specific survival rate of *N.lugens* reared on *Bt* rice (T1C-19 and T2A-1)and non-*Bt* rice (MH63) under laboratory conditions at 28°C and 70-80% RH

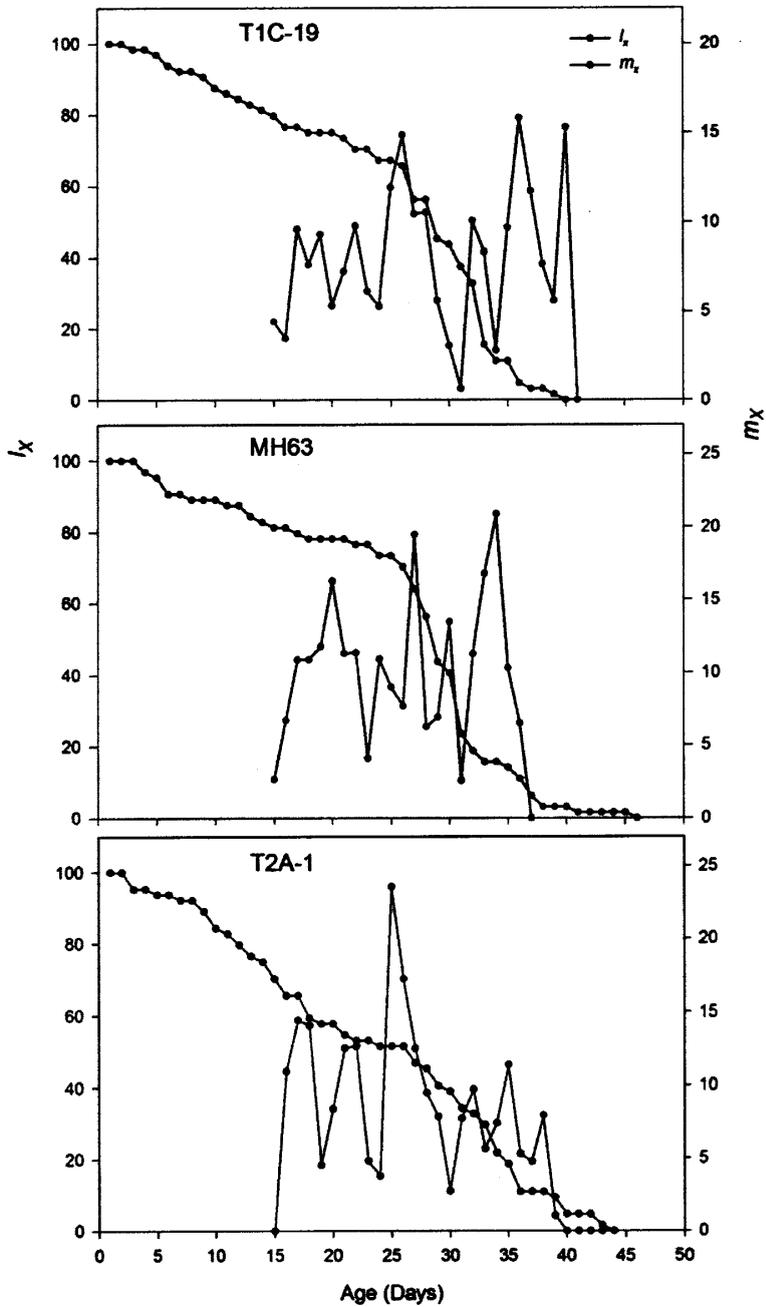


图 9.5 褐飞虱取食 *Bt* 水稻 (T1C-19 和 T2A-1) 及其对照(MH63)的年龄特征存活率和产卵量

Fig.9.5 Age-specific survivorship ( $l_x$ ) and age-specific fecundity ( $m_x$ ) of *Nilaparvata lugens* reared on *Bt* (T1C-19 and T2A-1) and non-*Bt* rice (MH63) under laboratory conditions

## 2.2 蜜露量

白背飞虱取食 G6H1 和 XS110 所产生的蜜露量分别是  $10.31 \pm 2.11$  (mg/female adult per 24h) 和  $4.32 \pm 0.88$  (mg)。水稻品种对蜜露量有显著的影响 ( $F=4.26$ ,  $df=1, 72$ ,  $P=0.045$ )。说明, 白背飞虱偏爱取食转基因水稻 G6H1。

褐飞虱取食 T1C-19, T2A-1 和 MH63 所产生的蜜露量分别是  $5.81 \pm 1.19$  (mg),  $6.55 \pm 1.34$  (mg) 和  $8.20 \pm 1.67$  (mg)。水稻品种对蜜露量没有显著的影响 ( $F=0.57$ ,  $df=2, 72$ ,  $P=0.570$ )。

## 3 讨论

本章研究结果表明, 取食转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻 G6H1 的白背飞虱卵和整个若虫历期显著短于对照, 特别是 1-2 龄的若虫历期显著低于对照, 雌成虫的寿命却显著的长于对照, 雌成虫排泄的蜜露量也以转基因水稻显著性多于对照, 然而, 白背飞虱的产卵量在两者之间却没有差别, 可见白背飞虱偏好取食转基因水稻并且有加快发育的趋势。转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻 T1C-19 和 T2A-1 对褐飞虱发育历期、繁殖、存活、生命表参数和蜜露量都没有显著性的影响。

不同的转 *Bt* 基因水稻对不同种类的飞虱有不同的影响, 更加说明个案分析原则在转基因作物安全评价中的必要性, 由于 *Bt* 蛋白对同翅目的害虫没有直接的毒性, 因此这种不同的影响可能跟 *Bt* 基因插入到水稻基因组中, 引起的非预期效应有关, 具体的原因还需要进一步的探讨。

前人室内条件的研究也发现, *Bt* 水稻对非靶标害虫主要是飞虱、黑尾叶蝉和蓟马的影响, 也具有不同的结果, 概括起来有三类: 第一类, *Bt* 水稻对非靶标植食者的发生具有抑制作用, Chen 等发现与各自的对照 KCK 和 IR72 相比, 褐飞虱不喜欢在转 *cry1Ab* 基因的水稻 (KMD1 和 KMD2)、转 *cry1Ab/cry1Ac* 基因的籼稻 (TT9-3 和 TT9-4) 上产卵, 并且 24 小时内的产卵量也有所降低 (陈茂等. 2003, Chen et al. 2004)。Chen 等 2012 年通过室内 4 个世代的研究表明 KMD2 对褐飞虱的产卵量有显著的抑制作用, 并且随着世代的增加进一步加剧 (Chen et al. 2012)。Akhtar 等的研究表明 *Bt* 水稻可以引起稻蓟马产卵时间和雌成虫期的显著缩短, 并且产卵量也显著的下降 (Akhtar et al. 2010); 第二类, *Bt* 水稻对非靶标植食者的发生没有影响, Bernal 等通过采用不同启动子驱动的 *Bt* 基因来研究 5 个转基因水稻材料对褐飞虱的影响, 结果说明褐飞虱的若虫存活率、初羽化雌雄成虫体重以及整个若虫的发育历期在 *Bt* 水稻和对照之间是相似的 (Bernal et al. 2002), 傅强等的研究也说明表达

*cry1Ab/CpTI* 基因的 MSA 和 MSB 对褐飞虱和白背飞虱的若虫发育历期、初羽化成虫鲜重、羽化率、短翅率、成虫产卵量等指标没有显著影响(傅强等. 2003), 谭红等的结果同样表明转 *cry1Ab* 基因水稻 B1 和 B6 对白背飞虱的产卵行为和产卵量没有影响(谭红等. 2006); 第三类, *Bt* 水稻对非靶标害虫的发生具有促进作用, 取食转 *cry1Ab* 基因 KMD1 的黑尾叶蝉的雌成虫寿命、产卵量、产卵期显著的高于或者长于对照亲本 KCK(周霞等. 2005)。

田间的环境的复杂性和多变性对室内条件下的结果可以起到很好的验证作用, 田间调查(第四章)发现 *Bt* 水稻对白背飞虱和褐飞虱的种群密度没有影响, 结合室内和田间的结果说明 *Bt* 水稻的种植不会引起非靶标害虫种群的爆发。另外, 本章所得出的结论是基于对飞虱一个世代的研究得出的结论, 因此, 开展多个世代的评价是非常迫切。

## 第十章 *Bt* 水稻对拟环纹豹蛛生长发育的影响

蜘蛛是稻田生态系统中捕食者中的重要类群,拟环纹豹蛛是蜘蛛类群中的优势种,它可以有效的压制害虫种群的增长。田间条件下,拟环纹豹蛛主要以飞虱和叶蝉等小型昆虫为食物,在这些昆虫数量不是很丰富的时候,也可以转移到其他猎物上获取营养。Tian 等的研究表明虽然可以在取食 *Bt* 水稻的褐飞虱体内检测到 *Bt* 蛋白的含量,转 *cry1Ab* 基因粳稻 KMD1 和 KMD2 对拟环纹豹蛛的生长发育、生殖力、存活和田间条件下的捕食没有负面影响(Tian et al. 2012a)。其他的研究也表明可以在取食 *Bt* 水稻的褐飞虱体内检测到 *Bt* 蛋白的存在(Bernal et al. 2002, Bai et al. 2006, Tian et al. 2010)。因此,拟环纹豹蛛在田间可能接触到 *Bt* 蛋白,其生长发育、繁殖以及捕食等生物学参数可能受到影响,本章以取食转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻 G6H1 以及转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因籼稻 T1C-19 和 T2A-1 的褐飞虱为猎物,研究猎物介导能否对拟环纹豹蛛产生影响。主要的研究内容如下:第一, *Bt* 蛋白在水稻植株体内的时空表达规律;第二, *Bt* 蛋白在水稻-褐飞虱-拟环纹豹蛛体内的传递规律;第三,褐飞虱介导对拟环纹豹蛛生物学参数的影响。

### 1 材料和方法

#### 1.1 供试水稻

供试验的水稻材料参见第二章的材料和方法。各个水稻品种的种子室内催芽后,播种于室外的无虫网室中,待秧龄 30 天后进行移栽,取分蘖期的水稻饲喂供试的褐飞虱若虫。

#### 1.2 猎物的饲养

将各供试水稻,去除黄叶和端部大部分稻叶,用自来水将稻苗清洗干净后,移栽于塑料盆中。每盆罩以一端开口,一端扎 60 目纱布,中间有通气孔(直径 6cm)的透明塑料筒(直径 11cm×高 40cm),然后分别接入雌雄褐飞虱产卵繁殖,取低龄若虫备用。

#### 1.3 供试蜘蛛

拟环纹豹蛛雌成蛛采集于浙江大学试验农场,将携带卵囊的 20 头雌成蛛带回室内饲养,产卵后取同一天从雌蛛背上散开的二龄若蛛作为实验对象。

#### 1.4 *Bt* 蛋白在转基因籼稻 T1C-19 和 T2A-1 的时空表达规律

田间条件下,分别取转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因的 T1C-19 和 T2A-1 水稻分蘖期、孕穗期、

抽穗期和黄熟期的叶片和茎秆放入冰盒内, 带回实验室后-70℃冻存。Cry1C 和 Cry2A 杀虫蛋白含量分别以 *Bt*-Cry 1C 和 *Bt*-Cry 2A 蛋白定量试剂盒(Envirologix 公司)测定, 严格按照试剂盒的说明书进行测定。每个品种每一个生育期, 重复 10 次。水稻叶片和茎秆总可溶性蛋白以 Bradford 法 (Bradford 1976)测定, 并计算 Cry1C 和 Cry2A 杀虫蛋白占不同生育期水稻叶片和茎秆总可溶性蛋白的比率。

### 1.5 *Bt* 蛋白在三级营养关系中的传递规律的测定

用于 1.6 实验的水稻茎秆、褐飞虱若虫和拟环纹豹蛛成虫分别取样用于 Cry1C 和 Cry2A 蛋白检测。其中茎秆重复 5 次, 褐飞虱若虫和拟环纹豹蛛成虫重复 3 次。Cry1C 和 Cry2A 蛋白含量采用 *Bt*-Cry1C 和 Cry2A 检测试剂盒 (Envirologix), Cry1C 和 Cry2A 蛋白以试剂盒内提供的蛋白稀释一定的倍数后做标准曲线进行检测, 具体操作步骤严格按试剂盒说明书进行。

### 1.6 *Bt* 水稻对拟环纹豹蛛生长发育和体重的影响

二龄的拟环纹豹蛛于 2 cm×12 cm 的玻璃指形管中单独饲养, 在管底放一吸水海绵, 管口塞以棉花。每个处理的供试蛛量为 80 头, 分别喂饲以在 T1C-19、T2A-1 和 MH63 上饲养的 2-3 龄褐飞虱若虫或 G6H1 和 XS110 上饲养的 2-3 龄褐飞虱若虫。隔日加水喂足量猎物 1 次, 并清洁管内卫生。每天记录蜕皮数和存活数。待若蛛发育成熟后, 取 24 小时成熟的雌雄成蛛, 在电子分析天平上称其鲜重。实验于温度 28℃±2℃、光周期 (L:D) 16 h: 8 h、光强度 3500~4000 Lux、湿度 70~80%的人工气候箱内进行。

### 1.7 数据分析

*Bt* 蛋白在水稻体内的是空表达、*Bt* 蛋白在三级营养关系中的传递规律以及拟环纹豹蛛取食褐飞虱的生长发育和体重的分析采用 SAS 软件的一般线性模型, 如果水稻品种之间存在差异, 进一步采用 Tukey 的方法进行两两比较。蜘蛛的存活率应用 SAS 软件进行 Wilcoxon 测验分析。所有的比较,  $\alpha=0.05$ 。

## 2 结果

### 2.1 *Bt* 蛋白在转基因籼稻 T1C-19 和 T2A-1 及其对照 MH63 的时空表达规律

ELISA 测定结果表明, 转基因品种 T1C-19 和 T2A-1 分别可以检测到 Cry1C 或 Cry2A 杀虫蛋白, 然而对照品种 MH63 体内却没有检测到(图 10.1)。T2A-1 水稻体内所表达的 Cry2A

含量要高于 T1C-19 体内所表达的 Cry1C 蛋白。方差分析表明, 无论是叶片还是茎秆, 两种转基因水稻材料不同生育期所表达的杀虫蛋白都存在显著差异 (T1C-19, leaf,  $F=3.58$ ,  $df=3,39$ ,  $P=0.023$ ; stem,  $F=3.12$ ,  $df=3,39$ ,  $P=0.038$ ; T2A-1, leaf,  $F=3.74$ ,  $df=3,39$ ,  $P=0.020$ ; stem,  $F=19.26$ ,  $df=3,39$ ,  $P<0.001$ ), 从趋势来看, 分蘖期表达的 *Bt* 蛋白量占可溶性蛋白的含量比较低, 成熟期则比较高。

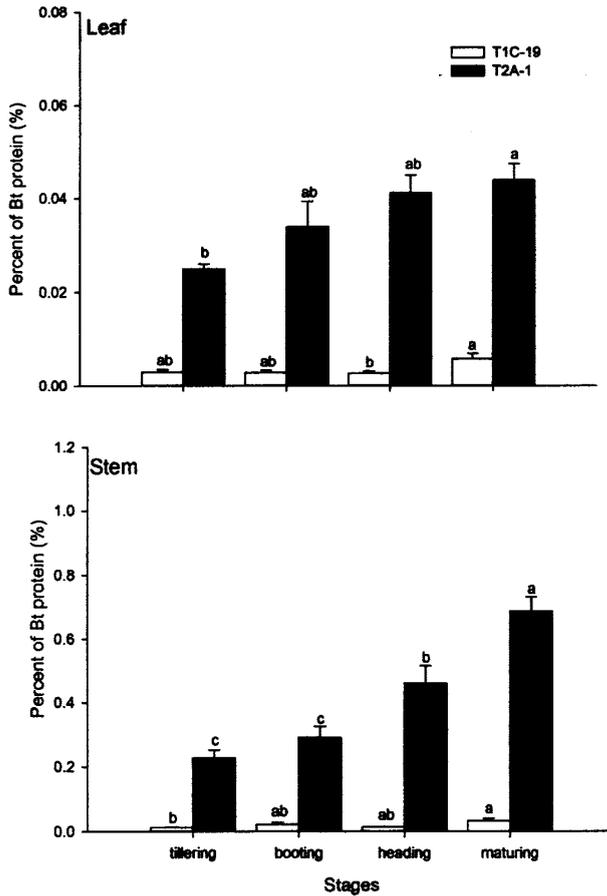


图 10.1 *Bt* 水稻(T1C-19 和 T2A-1)不同生育期叶片和茎秆内 Cry1C 或 Cry2A 杀虫蛋白占可溶性蛋白的比例

Fig 10.1 Percent of Cry1C or Cry2A insecticidal protein in leaves and stems of *Bt* rice (T1C-19 and T2A-1) accounting for total soluble proteins at rice growth stages

图中数据为平均数±标准误, 下同。Note: The data are Mean±SE ( $n=10$ ). The same letters on the different stages of the same variety represents no significant based on the ANOVA at  $P=0.05$ .

2.2 *Bt* 蛋白在三级营养关系中的传递规律

*Bt* 水稻、褐飞虱若虫和拟环纹豹蛛成虫体内 Cry1C 或 Cry2A 蛋白的含量如图 10.2 所示。转基因水稻品种 T2A-1 茎秆中，所测得的 Cry2A 蛋白含量为  $11.54 \pm 3.23 \mu\text{g/g}$ ，显著高于褐飞虱 ( $9.51 \pm 2.12 \text{ ng/g}$ ) 和拟环纹豹蛛 ( $0.57 \pm 0.33 \text{ ng/g}$ ) 体内的 Cry2A 蛋白 ( $F = 6.94, df = 2, 10, P < 0.018$ )。另外，相似的结果也在转基因水稻品种 T1C-19 中观察到，蜘蛛体内的 Cry1C 蛋白含量为  $0.29 \pm 0.01 \text{ ng/g}$ ，显著的低于褐飞虱体内的  $9.69 \pm 0.99 \text{ ng/g}$  以及 T1C-19 茎秆中的  $0.72 \pm 0.12 \mu\text{g/g}$  ( $F = 20.81; df = 2, 10; P < 0.001$ )。对照 MH63 的处理中未检测到 Cry1C 或 Cry2A 蛋白。

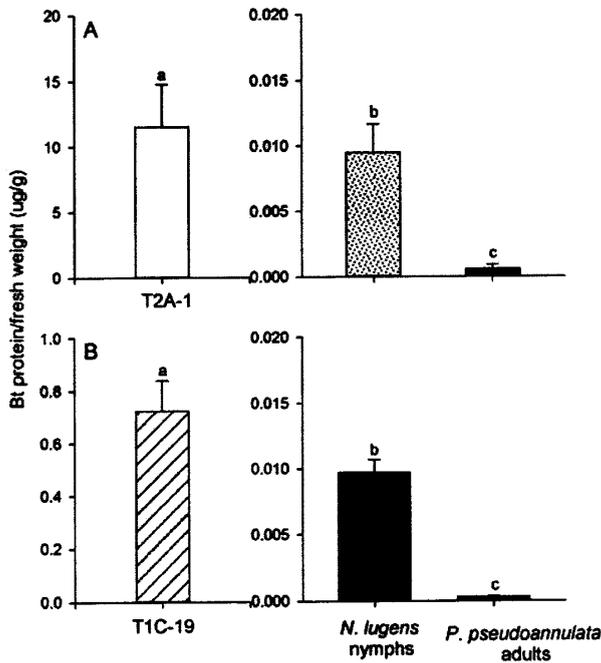


图 10.2 T1C-19 表达的 Cry1C 蛋白以及 T2A-1 所表达的 Cry2A 蛋白在三级营养关系中的传递规律

Fig. 10.2 Levels of Cry1C protein or Cry2A protein (mean±SE) detected from *Bt* rice and *Bt* rice-reared *Nilaparvata lugens* nymphs, and *Pardosa pseudoannulata* adults fed on *Bt* rice-fed *Nilaparvata lugens* nymphs using ELISA. (A) T2A-1 expressing Cry2A protein, (B) T1C-19 expressing Cry1C protein.  $n=5$  for *Bt* rice;  $n=3$  for *Nilaparvata lugens* nymphs and *Pardosa pseudoannulata* adults. Means with same letters were not significantly different (ANOVA based on Proc GLM,  $P < 0.05$ ).

## 2.3 *Bt* 水稻对拟环纹豹蛛存活率、生长发育和体重的影响

### 2.3.1 转 *cry1Ab/vip3H* 水稻和拟环纹豹蛛

拟环纹豹蛛取食 G6H1 和 XS110 所饲喂白背飞虱的生长发育和存活率见表 10.1 及图 10.3。拟环纹豹蛛若虫的存活率在两种水稻品种上没有显著差异 ( $df=1$ ,  $X^2=0.10$ ,  $P=0.748$ )。从表中可以看出除 2 龄和 4 龄若蛛的历期受到水稻品种的影响外 (2 龄:  $F=9.46$ ,  $df=1,118$ ,  $P=0.003$ ; 4 龄:  $F=4.26$ ,  $df=1,43$ ,  $P=0.045$ ), 其余各龄若蛛的发育历期在两者之间没有显著差异, 并且从 2 龄到成蛛期的整个发育历期在两者之间也没有显著差异 ( $F=0.75$ ,  $df=1,36$ ,  $P=0.394$ )。

拟环纹豹蛛取食 G6H1 和 XS110 所饲喂白背飞虱的初羽化雌雄成蛛的体重分别是  $69.82\pm 6.55(\text{mg/adult})$ 、 $73.62\pm 2.53(\text{mg})$ 、 $40.61\pm 3.44(\text{mg})$ 、 $43.52\pm 2.29(\text{mg})$ 。水稻品种的不同类型对初羽化雌雄成蛛的体重没有显著的影响 (雌:  $F=0.41$ ,  $df=1,15$ ,  $P=0.534$ ; 雄:  $F=0.52$ ,  $df=1, 21$ ,  $P=0.477$ )。

表 10.1 以 *Bt* 水稻 (G6H1)或对照(XS110)饲养的褐飞虱若虫为猎物时  
拟环纹豹蛛发育历期

Table 10.1 Developmental duration of *Pardosa pseudoannulata* from 2nd instar to adult emergence when fed on either *Bt* rice-fed (G6H1) or non-*Bt* rice-fed (XS110) *Nilaparvata lugens*

Development duration	G6H1		XS110		F; df; P
	Mean±SE	n	Mean±SE	n	
2nd instar	9.35±0.54*	65	13.13±1.18	54	9.46; 1, 118; 0.0026
3rd instar	14.92±1.93	26	21.50±3.22	38	2.43; 1, 63; 0.1240
4th instar	32.31±4.46*	16	21.93±2.83	28	4.26; 1, 43; 0.0453
5th instar	13.88±2.91	16	14.46±2.47	26	0.02; 1, 41; 0.8809
6th instar	6.88±1.05	16	6.12±0.38	26	0.02; 1,41; 0.8809
7th instar	6.06±0.27	16	6.36±0.35	25	0.38; 1,40; 0.5414
8th instar	7.44±0.57	16	8.79±0.55	24	2.70; 1, 39; 0.1087
9th instar	10.08±0.54	12	10.47±0.80	17	0.13; 1, 28; 0.7163
10th instar	11.43±0.84	7	13.75±3.25	4	0.79; 1, 10; 0.3975
2nd instar-adult	108.00±1.80	16	109.76±1.14	21	0.75; 1, 36; 0.3935

Mean  $\pm$ SE in the same row followed by asterisk \* are significantly different at  $P=0.05$  by using Tukey's multiple-range test.

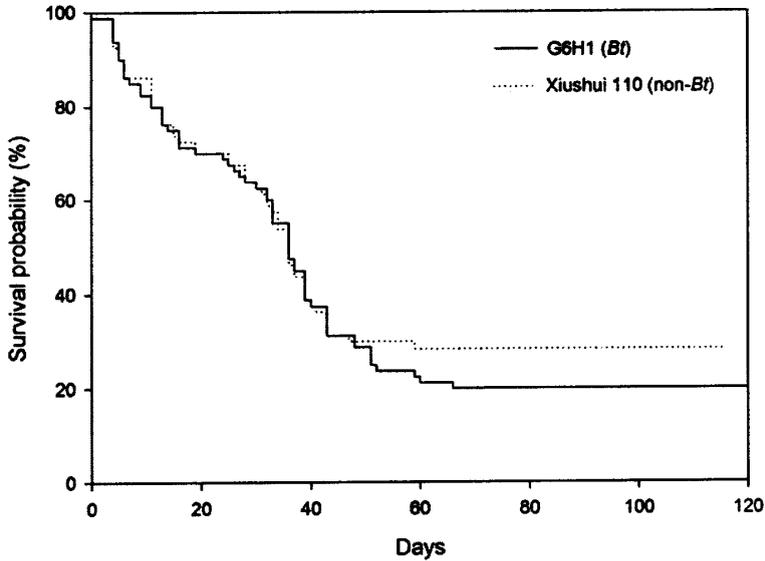


图 10.3 以 *Bt* 水稻 (G6H1)或对照(XS110)饲养的褐飞虱若虫为猎物时拟环纹豹蛛从 2 龄若虫到成蛛的存活率

Fig.10.3 Survival of *Pardosa pseudoannulata* over a 120-day period when fed with either *Bt* rice-fed or non-*Bt* rice-fed *Nilaparvata lugens* nymphs. There was no significant difference between *Bt* rice and control treatment, based on Wilcoxon test.  $n=80$  for G6H1 and XS110.

### 2.3.2 转 *cry1C* 或 *cry2A* 水稻和拟环纹豹蛛

拟环纹豹蛛取食 T1C-19、T2A-1 及其对照亲本 MH63 所饲喂的褐飞虱的生长发育的数据见表 10.2 及存活率见图 10.4。尽管拟环纹豹蛛若蛛的存活率在 T2A-1 和 MH63 上没有显著差异 ( $\chi^2=0.0616$ ,  $df=1$ ,  $P=0.8040$ ), 但是 T1C-19 上若蛛的存活率则显著高于其对照水稻品种 MH63 上 ( $\chi^2=7.7638$ ,  $df=1$ ,  $P=0.005$ )。从表中可以看出除 2 龄和 3 龄若蛛的历期受到水稻品种的影响外 (2 龄:  $F=6.65$ ,  $df=2, 185$ ,  $P=0.002$ ; 3 龄:  $F=8.36$ ,  $df=2, 135$ ,  $P=0.001$ ), 其余各龄若蛛的发育历期在三者之间没有差异, 并且从 2 龄到成蛛期的发育天数在水稻品种之间也没有差异 ( $F=1.31$ ,  $df=2, 49$ ,  $P=0.280$ )。

拟环纹豹蛛取食 T1C-19、T2A-1 及其对照亲本 MH63 所饲喂的褐飞虱初羽化雌雄成蛛的体重分别是  $71.7 \pm 2.75$  (mg)、 $69.65 \pm 7.86$  (mg)、 $86.60 \pm 7.07$  (mg),  $37.79 \pm 1.72$  (mg)、 $34.93 \pm 1.71$

(mg)、42.15±2.14 (mg)。水稻品种的不同对初羽化雌雄成蛛的体重没有显著的影响 (雌:  $F=3.03$ ,  $df=2,20$ ,  $P=0.073$ ; 雄:  $F=1.59$ ,  $df=2,26$ ,  $P=0.224$ )。

表 10.2 以 *Bt* 水稻 (T1C-19 和 T2A-1)或对照(MH63)饲养的褐飞虱若虫为猎物时  
拟环纹豹蛛发育历期

Table 10.2 Developmental duration of *Pardosa pseudoannulata* from 2nd instar to adult emergence when fed on either *Bt* rice-fed (T1C-19 and T2A-1) or non-*Bt* rice-fed (MH63)

*Nilaparvata lugens*.

Development duration	T1C-19		MH63		T2A-1		<i>F</i> ; <i>df</i> ; <i>P</i>
	Mean±SE	<i>n</i>	Mean±SE	<i>n</i>	Mean±SE	<i>n</i>	
2nd instar	13.74±1.15a	66	9.38±0.67b	65	9.85±0.94b	55	6.65; 2, 185; 0.0016
3rd instar	18.57±2.36a	46	9.93±1.01b	46	10.80±1.23b	44	8.36; 2, 135; 0.0004
4th instar	25.62±3.57a	34	30.43±5.23a	14	20.78±4.05a	18	0.96; 2, 65; 0.3881
5th instar	10±2.13a	30	11.58±3.40a	12	12.00±2.00a	13	0.19; 2,54; 0.8251
6th instar	5.93±0.38a	30	6.45±0.82a	11	7.42±1.70a	12	0.82; 2, 52; 0.4475
7th instar	7.13±0.73a	30	6.45±0.71a	11	7.00±0.72a	12	0.16; 2,52; 0.8538
8th instar	10.28±0.49a	29	9.00±0.43a	11	8.50±1.01a	12	2.22; 2, 51; 0.1199
9th instar	10.23±0.41a	13	10.44±0.65a	9	8.75±0.56a	8	2.68; 2, 29; 0.0871
2nd instar-adult	103.00±3.64a	29	111.36±2.39a	11	102.67±1.50a	12	1.31; 2, 49; 0.2800

Mean ±SE in the same row followed by the same letters are not significantly different at  $P=0.05$  by using Tukey's multiple-range test.

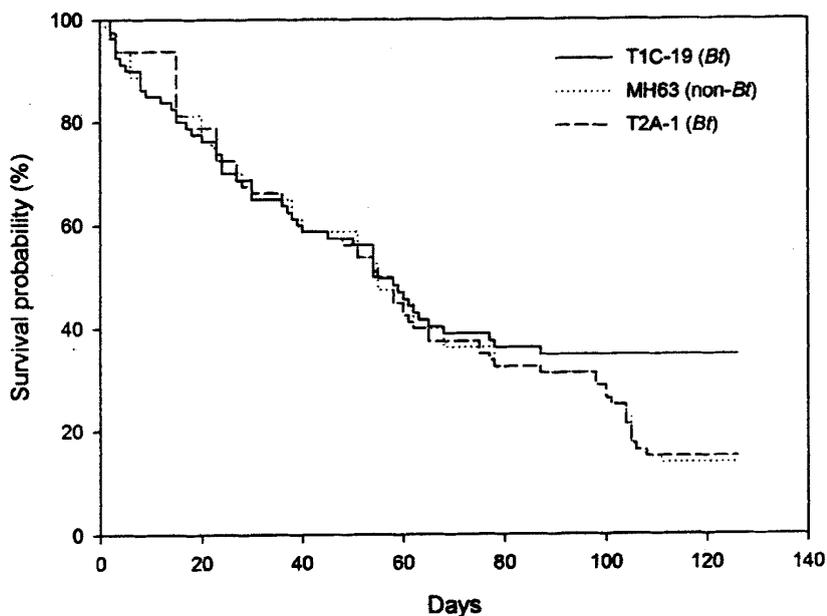


图 10.4 以 *Bt* 水稻 (T1C-19 和 T2A-1) 或对照 (MH63) 饲养的褐飞虱若虫为猎物时拟环纹豹蛛从 2 龄若虫到成蛛的存活率

Fig.10.4 Survival of *Pardosa pseudoannulata* over a 130-day period when fed with either *Bt* rice-fed or non-*Bt* rice-fed *Nilaparvata lugens* nymphs. There was no significant difference between *Bt* rice and control treatment, based on Wilcoxon test.  $n=80$  for T1C-19, T2A-1 and MH63.

### 3 讨论

本章的研究结果表明, 转基因水稻品种 T1C-19 或 T2A-1 分别表达的 Cry1C 或 Cry2A 蛋白以叶片的表达量为高, 以茎秆为低, 从发育时间来看, 分蘖期表达的量占可溶蛋白的比例比较低, 成熟期则比较高, 而且 Cry2A 蛋白所占的比例要高于 Cry1C 蛋白。尽管 *Bt* 蛋白可以在三级营养关系中进行传递, 说明拟环纹豹蛛可以暴露于 *Bt* 蛋白, 然而 *Bt* 蛋白的表达量以转基因水稻极显著为高, 褐飞虱次之, 蜘蛛体内所含的 *Bt* 蛋白最低, 大约分别为褐飞虱体内 Cry2A 蛋白以及 Cry1C 蛋白的 6% 和 1%。转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻 G6H1 对拟环纹豹蛛的存活和从 2 龄若蛛到成虫的发育历期没有显著的影响, 尽管 2 龄和 4 龄若蛛的发育历期显著性的高于对照。T1C-19 的若蛛存活率显著性的高于对照和 T2A-1, 但是 T2A-1 和对照之间没有显著差异, 整个若蛛的发育历期 (2 龄到成蛛) 在水稻品种之间是相似的。不论是转基因粳稻还是籼稻, 雌雄成蛛的鲜重和对照之间没有显著差别, 而且存活率都较低。

各个水稻品种上饲养的拟环纹豹蛛的存活率比较低可能与猎物单一有关。蜘蛛的猎物范围比较广泛,取食不同的猎物可以满足不同的营养需要,本实验中主要采用褐飞虱为唯一的猎物,因此单一的猎物由于营养的单一性导致拟环纹豹蛛获取的营养不足,出现较高的死亡率。

我们的研究结果同前人的研究结果存在一致性,前人的研究结果表明以 *Bt* 水稻饲喂的褐飞虱若虫为猎物时拟环纹豹蛛、食虫瘤胸蛛的生长发育、存活、繁殖没有负面的影响(Tian et al. 2010, Tian et al. 2012a), Chen 等的结果表明虽然 *Bt* 蛋白可以在取食 *Bt* 水稻的稻纵卷叶螟体内检测到,并且以此为猎物的拟水狼蛛若虫的发育历期也比对照显著性的延长,但是第一个卵囊的卵量和卵的孵化率并没有受到影响,而且拟水狼蛛中肠细胞膜上也不存在和 Cry1Ab 蛋白结合的受体,田间的结果也说明该蛛的种群密度也没有受到 *Bt* 水稻的影响(Chen et al. 2009)。另外,采用 PCR-LDR 的方法对拟环纹豹蛛和锥腹肖蛸体内 15 中猎物的追踪发现, *Bt* 水稻上两种蜘蛛的猎物结构和对照是一致的(Li et al. 2011)。

田间的调查(第七章)也说明拟环纹豹蛛的密度并没有收到 *Bt* 水稻的影响,结合室内和田间的结果,我们可以得出所评价的 *Bt* 水稻对拟环纹豹蛛没有负面的影响。

## 第十一章 总讨论

### 1 *Bt* 水稻对非靶标生物的影响

2012 年全球转基因作物种植面积达到 1.7 亿公顷, 比 1996 年增长了约 100 倍 (James 2012), 然而转基因作物所能带来的风险也在持续的争论中, 争论的焦点主要集中在两个方面: 一方面是生态环境的安全性, 另一方面是食品安全。生态环境的安全性评价主要的内容包括靶标害虫的抗性风险和 *Bt* 作物对非靶标生物的潜在影响。

稻田节肢动物群落是一个以水稻为中心, 多种植食性昆虫、天敌、腐食性昆虫和其他节肢动物通过食物链的营养流和化学通讯的信息流而发生相互关系并共存的复杂网络系统。在这个生态系统中, 植食性昆虫主要以水稻植株为食物来源, 根据水稻部位的不同可以分为食叶类如稻纵卷叶螟; 钻蛀类如二化螟和三化螟; 吸汁类如飞虱类和蓟马; 食根类如稻象甲等, 自然天敌以植食性昆虫为寄主或猎物, 同时生活在地表和土壤当中的腐食性昆虫则以植株残体或者昆虫的尸体为食物, 除此之外的其他昆虫如摇蚊和蚊科等类群幼虫生活在土壤或水体中, 当生态系统中的植食性昆虫数量不丰富时, 其他类的昆虫和腐食性昆虫则对天敌的食物来源起到补充做用户, 可以起到维持天敌种群数量的作用, 因此稻田节肢动物群落是有机结合、环环相扣、密切联系在一起的。

化学农药的使用在一定程度上控制了主要害虫的危害和发生, 保障了粮食生产, 增加了粮食产量, 但是农药的长期使用也导致了害虫抗性的产生、次要害虫爆发和农药残留等一系列问题, 同时也对自然天敌具有杀伤作用, 破坏了生物多样性, 减弱了自然天敌对害虫的生物防治作用, 因此, *Bt* 水稻引入到稻田生态系统和害虫综合治理的框架之内, 应该不破坏自然天敌发挥其应有的作用和生态功能。

*Bt* 水稻进入农田生态系统中来, 稻田节肢动物群落可以通过以下 4 种方式接触到 *Bt* 水稻植株所表达的 *Bt* 毒蛋白: 第一, 节肢动物直接取食 *Bt* 水稻的组织或残体 (图 11.1 中的 1); 第二, *Bt* 水稻花粉飘落到作物外生境, 被其他的节肢动物所取食 (图 11.1 中的 2); 第三, 吸汁类的昆虫在植株上取食时, 排泄的蜜露是很多节肢动物的食物来源, 如捕食者、寄生者、传粉昆虫和植食类的成虫 (图 11.1 中的 3); 第四, 自然天敌通过寄生或者捕食接触到寄主或猎物体内的 *Bt* 蛋白 (图 11.1 中的 3)。可见, 稻田节肢动物可以通过多种途径接触到转基因水稻植株所表达的 *Bt* 蛋白。另外, *Bt* 基因插入到水稻基因组中, 由于是随机插入, 所以可能引起非预期的变化, 如水稻植株本身的物理性状、农艺性状、营养物质、挥发性和非挥发性次生化合物发生不可预测的变化, 这些变化反过来可能对稻田节肢动物群落产生不同程

度的影响。总之，*Bt* 水稻对稻田节肢动物的影响是多方面的，同时，不同的转基因品系所产生的效应是不同的，转基因作物评价的个案分析原则是非常必需的。

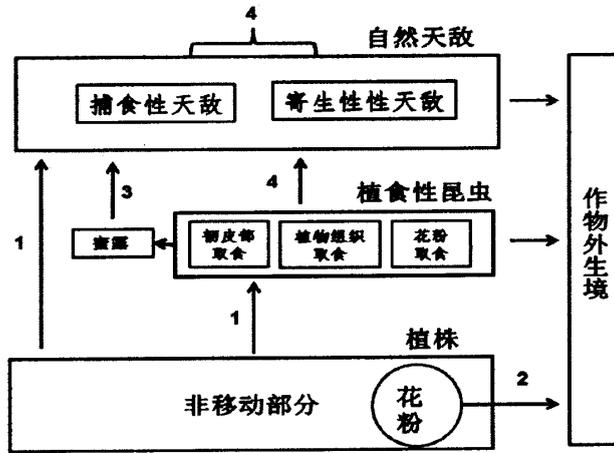


Fig.11.1 非靶标生物可能暴露于 *Bt* 蛋白的途径 (仿 Romeis et al., 2009)

Fig.11.1 Expose pathways. Routes through which non-target arthropods can be exposed to insecticidal proteins expressed by IRGM plants (Romeis et al. 2009).

节肢动物有些类群在 *Bt* 水稻和对照田之间存在差异，主要是有下面四个原因导致的：第一，*Bt* 毒蛋白的直接作用，节肢动物可以通过多种途径接触到 *Bt* 毒蛋白，特别是 *Bt* 毒蛋白对鳞翅目害虫具有很高的致死效应，导致鳞翅目害虫幼虫田间种群数量的显著减少，田间观察发现水稻螟虫的危害状枯心或白穗以及稻纵卷叶螟造成的卷叶，*Bt* 水稻田基本上没有，那么以鳞翅目害虫幼虫为寄主或猎物的天敌，一方面专性寄生蜂不可能在寄主体内完成整个生活史或生长发育、繁殖等受到影响。有研究发现当二化螟绒茧蜂寄生对 *Cry1Ab* 或 *Cry1Ab/CpTI* 蛋白敏感的二化螟幼虫时，它的寄生率、结茧率、蜂蛹历期、雄蜂寿命以及茧的长度都对照有显著差异(姜永厚等. 2004, 姜永厚等. 2005)，另一方面以鳞翅目害虫为猎物的捕食者可能发育历期延长，拟水狼蛛 (*Pirata subpiraticus* Boes.et str.) 以在 *Bt* 水稻上饲养的稻纵卷叶螟为食物时，它的生存率和产卵量没有受到影响，若蛛的发育历期却显著延长 (Chen et al. 2009)。本文研究发现 *Bt* 水稻田寄生性天敌的密度和优势度都低于对照，但没有达到显著差异，然而，鳞翅目的优势寄生蜂-茧蜂科的密度显著低于对照；第二，*Bt* 蛋白通过猎物介导的影响，对 *Bt* 蛋白敏感的鳞翅目害虫，取食 *Bt* 水稻之后，个体变小、生长变慢、发育迟缓、行动不便，都可能对天敌产生影响。飞虱和叶蝉是稻田生态系统中非靶标植食者中的优势类群，由于 *Bt* 蛋白对同翅目的害虫没有直接的毒性，因此以她们为寄主或者猎物的天敌的生物学参数不可能受到影响。前人进行的研究表明，虽然可以通过 ELISA 从 *Bt* 水

稻上饲养的褐飞虱体内或蜜露中检测到 *Bt* 蛋白的存在, 但是以此为寄主或者猎物对稻虱缨小蜂、黑肩绿满蝽、拟环纹豹蛛和食虫瘤胸蛛的生长发育、繁殖、存活等生物学参数以及捕食性天敌的捕食能力、猎物结构没有影响(Bernal et al. 2002, Gao et al. 2010, Tian et al. 2010, Li et al. 2011, Tian et al. 2012)。本文研究中发现转 *cry1C* 或 *cry2A* 基因水稻对褐飞虱的生物学参数和种群密度没有影响, 以此为猎物的拟环纹豹蛛的若蛛发育历期、成虫体重和对照没有区别, 但是转 *cry2A* 和对照上该蛛的死亡率显著高于转 *cry1C* 水稻。转 *cry1Ab/vip3H* 基因粳稻有利于白背飞虱成虫取食和若虫的发育, 但是产卵量和对照没有不同, 该 *Bt* 水稻上饲养的褐飞虱对拟环纹豹蛛的生物学特性也没有影响。捕食性昆虫和蜘蛛亚群落的分析结果也表明, 大多数情况, 捕食性天敌类群的种群密度及其时间动态在 *Bt* 水稻和对照之间没有差别, 少数情况下存在差异; 第三, *Bt* 水稻植物体内所表达的 *Bt* 蛋白可以分泌到土壤或水体中, 对弹尾目昆虫和摇蚊、蚊等的幼虫产生影响。Bai 等 2011 年采用模式跳虫白符跳 (*Folsomia candida* Willem) 来研究转 *Bt* 基因水稻对它的影响, 发现它的生长发育以及产卵量和对照没有不同(Bai et al. 2011), 另外, 通过陷阱法来研究水稻休田期, *Bt* 水稻的植株残体对弹尾虫和稻田非靶标生物群落的影响, 稻田优势的弹尾虫是灰橄榄长角跳虫 (*Entomobrya griseoolivata* Packard)、球角跳虫 (*Hypogastrura matura*) 和钩圆跳虫 (*Boudetiella christianseni* Banks), 优势弹尾虫的密度和节肢动物生物群落并没有受到 *Bt* 水稻植株残体的影响 (Bai et al. 2010, Bai et al. 2012)。本文的研究结果说明, *Bt* 水稻田和对照田的优势弹尾虫的种群密度因转基因品系、地点、年份存在不同, 没有一致性的规律; 第四, *Bt* 基因插入到水稻基因组中引起的非预期变化, 这种非预期的变化包括物理性状、农艺性状、营养物质、挥发性或非挥发性次生化合物的变化。如 Chen 等 2012 年通过室内 4 个世代的研究表明 KMD2 对褐飞虱的产卵量有显著的抑制作用, 并且随着世代的增加进一步加剧, 田间种群密度的调查说明, KMD2 上褐飞虱若虫的密度显著低于其对照 Xiushui11, 而 KMD1 和对照之间在这些参数上没有什么不同(Chen et al. 2012), Faria 等发现 *Bt* 玉米对玉米蚜 (*Rhopalosiphum maidis*) 种群密度有强烈的促进作用, 可能同 *Bt* 玉米体内氨基酸含量比对照有关, 而且蚜虫排出的蜜露量也显著的增加(Faria et al. 2007), Hagenbucher 等通过温室内的试验表明, *Bt* 棉花上靶标害虫为害的减弱, 导致棉花体内次生物质萜类的减少有利于棉蚜的发生和为害, 但是在田间条件下, 这种现象还不是很明显(Hagenbucher et al. 2013)。

本文从群落、亚群落、种群和个体水平, 系统评价四类不同的转 *Bt* 基因水稻对稻田节肢动物各功能团及其优势类群, 尤其是对非靶标生物飞虱、叶蝉以及蜘蛛的生态风险。多年多点多转基因品系的研究结果说明四类不同的转 *Bt* 基因水稻品系对稻田节肢动物群落各功

能团的组成、密度和优势度及其时间动态、优势类群的密度及其时间动态,大多数情况下,和对照之间存在相似性,但极个别情况下也存在差异;*Bt* 水稻田中寄生性天敌的密度和优势度低于对照,但是没有显著差异,茧蜂科的密度却显著的低于对照,说明 *Bt* 蛋白对鳞翅目昆虫的高致死效应,导致寄主数量减少,寄生鳞翅目幼虫的茧蜂科密度也随之减少;*Bt* 水稻因转基因品系、地点和年代的不同对植食性害虫存在不同的效应,该种情况也在 *Bt* 水稻对跳虫的影响中得到观察,但是没有一致性的规律,室内的研究结果也表明不同的水稻品系对不同种类的飞虱也存在不同的效应;*Bt* 水稻对捕食性昆虫和蜘蛛亚群落没有负面影响,室内的结果同样验证 *Bt* 水稻对拟环纹豹蛛没有负面影响。总之, *Bt* 水稻对节肢动物群落没有负面的影响,有些类群在 *Bt* 水稻和对照之间存在不同,有些是可以推测到的,其他类群存在不同的机理还需要进一步来深入探讨。

本文所得出的结论大部分是基于田间的试验和调查得出,虽说可以反映一定的实际情况,但是田间生态环境的复杂性和多样性以及其他一些未知因素的因素,可能导致对结果的解读和认知存在一定的误差,因此田间研究得出的结论,可以在实验室条件下把某些可能存在疑惑的物种单独进行饲养和研究,另外试验田的面积、取样方法以及试验持续时间都会对试验结果存在一定影响,因此长期的、大面积、多地点、多年份的监测和室内的结合是非常必需的。

## 2 本文的研究特色和创新点

随着转基因作物种植面积的扩大,有关转基因作物所带来的风险也在持续不断的争论之中,本文以四类不同转 *Bt* 基因的水稻为材料,通过室内和田间条件的研究,系统评价对非靶标生物的影响。本文的研究特色和创新点如下:

第一,在前人评价转 *cry1Ab* 基因粳稻 KMD 对稻田节肢动物群落影响的基础上,本文采用 5 年的研究评价该水稻品系对稻田节肢动物群落结构的长期影响。

第二,评价新型抗虫、抗除草剂转 *cry1Ab/vip3H+epsps* 基因粳稻以及转 *cry1C*、*cry2A* 基因抗虫籼稻 TIC-19 和 T2A-1 对稻田节肢动物群落结构的影响。

第三,评价新型抗虫、抗除草剂转 *cry1Ab/vip3H+epsps* 基因粳稻以及转 *cry1C*、*cry2A* 基因抗虫籼稻 TIC-19 和 T2A-1 对植食性昆虫、捕食性昆虫、寄生性昆虫、腐食性昆虫等亚群落以及蜘蛛亚群落的影响。

第四,采用 Canoco 4.5 软件提供的 PRCs 分析方法,对整个节肢动物群落对 *Bt* 和对照之间的响应运用蒙特卡罗法进行显著性分析。

第五,采用生命表分析的方法,评价转 *cry1C*、*cry2A* 基因抗虫籼稻 TIC-19 和 T2A-1 对稻田生态系统中的优势非靶标害虫-褐飞虱的影响。

### 3 今后的研究方向

今后要继续开展的工作如下:

第一,大规模、多地点、多年份监测转基因水稻田靶标和非靶标生物(植食性昆虫及捕食性昆虫、寄生性天敌)种群密度的动态变化,探明转基因水稻的长期种植会不会引起靶标害虫耐受性的增强、次要害虫的爆发和对自然天敌产生负面影响。

第二,探明不同 *Bt* 水稻对飞虱和叶蝉等非靶标植食者产生正面或负面影响的内在机制。

第三,研究新型抗虫、抗除草剂 *Bt* 水稻对模式跳虫-白符跳生物学参数的影响,同时采用多种方法监测水稻生长期和收割后休田期弹尾目昆虫的种群动态变化。

第四,研究 *Bt* 蛋白在 *Bt* 水稻-害虫-天敌体内的传递规律,并探讨对天敌生物学参数和重要生态功能的影响。

## 参考文献

- 白耀宇, 蒋明星, 程家安. 2006a. *Bt* 稻 CryIAb 杀虫蛋白在水体中的残留和 *Bt* 稻田三类水生昆虫数量调查. 四川农业大学学报 24: 25-28.
- 白耀宇, 蒋明星, 程家安, 王敦. 2006b. 转 *Bt cryIAb* 基因水稻对稻田弹尾虫种群数量的影响. 应用生态学报 17: 903-906.
- 陈茂, 叶恭银, 胡萃, S. K. Datta. 2003. *Bt* 籼稻对褐飞虱取食、产卵行为的影响. 植物保护学报 30: 365-370.
- 陈洋, 田俊策, 彭于发, 郭予元, 叶恭银. 2011. 转 *cryIAb/vip3H* 基因水稻对非靶标害虫褐飞虱连续多代生长发育与繁殖的影响. 中国生物防治学报 27: 490-497.
- 程家安, 何俊华. 1996. 水稻害虫, 中国农业出版社, 中国, 北京.
- 程式华, 李建. 2007. 现代中国水稻, 金盾出版社, 中国, 北京.
- 程遵年, 吴进才, 马飞. 2003. 褐飞虱防治与研究, 中国农业出版社出版, 中国, 北京.
- 崔金杰, 夏敬源. 2006. 一熟转 *Bt* 基因棉田主要害虫及其天敌的发生规律. 植物保护学报 27: 141-145.
- 邓曙东, 徐静, 张育文, 周世文. 2003. 转 *Bt* 基因棉对非靶标害虫及害虫天敌种群动态的影响. 昆虫学报 46: 1-5.
- 傅强, 王锋, 李冬虎, 姚青, 赖凤香, 张志涛. 2003. 转基因抗虫水稻 MSA 和 MSB 对非靶标害虫褐飞虱和白背飞虱的影响. 昆虫学报 46: 697-704.
- 高明清, 侯守鹏, 蒲德强, 时敏, 叶恭银, 彭于发, 陈学新. 2011. 田间转 *Bt* 基因水稻上稻飞虱卵量、孵化率及天敌作用. 昆虫学报: 467-476.
- 何俊华, 陈樟福, 徐加生. 1980. 浙江省水稻害虫天敌图册, 浙江科学技术出版社, 杭州.
- 何俊华, 庞雄飞. 1986. 水稻害虫天敌图说, 上海科学技术出版社, 上海.
- 姜永厚, 傅强, 程家安, 叶恭银, 白耀宇, 张志涛. 2004. 转 *Bt* 基因水稻对二化螟绒茧蜂生物学特性的影响. 昆虫学报 47: 124-129.
- 姜永厚, 傅强, 程家安, 祝增荣, 蒋明星, 张志涛. 2005. 转 *sc1+cryIAC* 基因水稻对二化螟及二化螟绒茧蜂存活和生长发育的影响. 昆虫学报 48: 554-560.
- 刘志诚. 2002. *Bt* 水稻对稻田节肢动物群落和优势天敌的生态风险评价. 浙江: 浙江大学博士学位论文.
- 刘志诚, 叶恭银, 胡萃, Datta SK. 2002. *Bt* 水稻对主要非靶标害虫和蜘蛛优势种田间种群动态的影响. 植物保护学报 29: 138-144.
- 刘志诚, 叶恭银, 胡萃, Datta SK. 2003. 转 *cryIAb/cryIAC* 基因籼稻对稻田节肢动物群落影响. 昆虫学报 46: 454-465.
- 刘志诚, 叶恭银, 胡萃. 2004. 抗虫转基因水稻和化学杀虫剂对稻田节肢动物群落的影响. 应用生态学报 15: 2309-2314.
- 盛承发, 王红托, 高留德, 宣维健. 2003. 我国水稻螟虫大发生现状、损失估计及防治对策. 植物保护 29: 37-39.
- 舒庆尧, 叶恭银, 崔海瑞, 项友斌, 高明尉. 1998. 转基因水稻“克螟稻”选育. 浙江农业大学学报:

- 17-18.
- 谭红, 叶恭银, 沈君辉, 彭于发, 胡萃. 2006. 转 *cry1Ab* 基因抗虫籼稻对非靶标害虫白背飞虱发育与繁殖的影响. 植物保护学报 33: 252-256.
- 田俊策, 刘志诚, 姚洪渭, 叶恭银, 彭于发. 2008. 转 *cry1Ab* 基因水稻田寄生蜂亚群落结构及其优势类群数量动态的研究. 环境昆虫学报 30: 1-7.
- 王洪全. 2006. 中国稻区蜘蛛群落结构和功能的研究, 湖南师范大学出版社, 中国. 长沙.
- 魏伟, 钱迎倩, 马克平, 裴克全, 桑卫国. 2001. 转基因食品安全性评价的研究进展. 自然资源学报: 184-190.
- 吴伟祥, 叶庆富, 闵航, 陈华儿. 2003. 克螟稻秸秆 *cry1Ab* 基因表达产物对土壤生物学活性的影响. 土壤学报 40: 606-612.
- 夏松云. 1988. 稻田天敌昆虫原色图册, 湖南科学技术出版社, 长沙.
- 徐晓宇, 叶庆富, 吴伟祥, 闵航. 2004. 转 *Bt* 基因“克螟稻”秸秆还田对稻田厌氧微生物种群和酶活性的影响. 植物营养与肥料学报 10: 63-67.
- 杨虹, 李家新, 郭三堆, 陈学军, 范云六. 1989. 苏云金芽孢杆菌  $\delta$ -内毒素基因导入到水稻原生质体后获得转基因植株. 中国农业科学 22: 1-5.
- 叶恭银, 胡萃, 舒庆尧. 1998. 转基因抗虫水稻的转育及其合理持续利用, pp. 406-141. 程家安 和 周伟军 (主编), 跨世纪农业发展与研究. 中国环境科学出版社, 中国. 北京.
- 郑乐怡, 归鸿. 1999a. 昆虫分类 (下册), 南京: 南京师范大学出版社.
- 郑乐怡, 归鸿. 1999b. 昆虫分类 (上册), 南京: 南京师范大学出版社.
- 周霞, 程家安, 胡阳, 娄永根. 2005. 转 *Bt* 基因水稻克螟稻对黑尾叶蝉种群增长的影响. 中国农业科学 19: 74-78.
- Ahmad, A., S. B. Maqbool, S. Riazuddin, and M. B. Sticklen. 2002. Expression of synthetic *cry1Ab* and *cry1Ac* genes in Basmati rice (*Oryza sativa* L.) variety 370 via *Agrobacterium*-mediated transformation for the control of the European corn borer (*Ostrinia nubilalis*). In Vitro Cell Dev-Pl 38: 213-220.
- Akhtar, Z. R., J. C. Tian, Y. Chen, Q. Fang, C. Hu, M. Chen, Y. F. Peng, and G. Y. Ye. 2010. Impacts of six *Bt* rice lines on nontarget rice feeding thrips under laboratory and field conditions. Environ Entomol 39: 715-726.
- Akhtar, Z. R., J. C. Tian, Y. Chen, Q. Fang, C. Hu, Y. F. Peng, and G. Y. Ye. 2013. Impact of six transgenic *Bacillus thuringiensis* rice lines on four nontarget thrips species attacking rice panicles in the paddy field. Environ Entomol 42: 173-180.
- Alam, M. F., K. Datta, E. Abrigo, A. Vasquez, D. Senadhira, and S. K. Datta. 1998. Production of transgenic deepwater *indica* rice plants expressing a synthetic *Bacillus thuringiensis cry1Ab*, gene with enhanced resistance to yellow stem borer. Plant Sci 135: 25-30.
- Alam, M. F., K. Datta, E. Abrigo, N. Oliva, J. Tu, S. S. Virmani, and S. K. Datta. 1999. Transgenic insect-resistant maintainer line (IR68899B) for improvement of hybrid rice. Plant Cell Rep18: 572-575.
- Alcantara, E. P., R. M. Aguda, A. Curtiss, D. H. Dean, and M. B. Cohen. 2004. *Bacillus thuringiensis* delta-endotoxin binding to brush border membrane vesicles of rice stem borers.

- Arch Insect Biochem 55: 169-177.
- Babendreier, D., N. M. Kalberer, J. Romeis, P. Fluri, E. Mulligan, and F. Bigler. 2005.** Influence of *Bt*-transgenic pollen, *Bt*-toxin and protease inhibitor (SBTI) ingestion on development of the hypopharyngeal glands in honeybees. *Apidologie* 36: 585-594.
- Bai, Y. Y., M. X. Jiang, J. A. Cheng, and D. Wang. 2006.** Effects of Cry1Ab toxin on *Propylea japonica* (Thunberg) (Coleoptera : Coccinellidae) through its prey, *Nilaparvata lugens* Stål (Homoptera : Delphacidae), feeding on transgenic *Bt* rice. *Environ Entomol* 35: 1130-1136.
- Bai, Y. Y., R. H. Yan, G. Y. Ye, F. N. Huang, and J. A. Cheng. 2010.** Effects of transgenic rice expressing *Bacillus thuringiensis* Cry1Ab protein on ground-dwelling collembolan community in postharvest seasons. *Environ Entomol* 39: 243-251.
- Bai, Y. Y., R. H. Yan, X. Ke, G. Y. Ye, F. N. Huang, Y. M. Luo, and J. A. Cheng. 2011.** Effects of transgenic *Bt* rice on growth, reproduction, and superoxide dismutase activity of *Folsomia candida* (Collembola: Isotomidae) in laboratory studies. *J Econ Entomol* 104: 1892-1899.
- Bai, Y. Y., R. H. Yan, G. Y. Ye, F. Huang, D. S. Wangila, J. J. Wang, and J. A. Cheng. 2012.** Field response of aboveground non-target arthropod community to transgenic *Bt*-Cry1Ab rice plant residues in postharvest seasons. *Transgenic Res* 21: 1023-1032.
- Bashir, K., T. Husnain, T. Fatima, N. Riaz, R. Makhdoom, and S. Riazuddin. 2005.** Novel *indica* basmati line (B-370) expressing two unrelated genes of *Bacillus thuringiensis* is highly resistant to two lepidopteran insects in the field. *Crop Prot* 24: 870-879.
- Bates, S. L., J. Z. Zhao, R. T. Roush, and A. M. Shelton. 2005.** Insect resistance management in GM crops: past, present and future. *Nat Biotechnol* 23: 57-62.
- Bernal, C. C., R. M. Aguda, and M. B. Cohen. 2002.** Effect of rice lines transformed with *Bacillus thuringiensis* toxin genes on the brown planthopper and its predator *Cyrtorhinus lividipennis*. *Entomol Exp Appl* 102: 21-28.
- Betz, F. S., B. G. Hammond, and R. L. Fuchs. 2000.** Safety and advantages of *Bacillus thuringiensis*-protected plants to control insect pests. *Regul Toxicol Pharm* 32: 156-173.
- Bourguet, D., J. Chaufaux, A. Micoud, M. Delos, B. Naibo, F. Bombarde, G. Marque, N. Eychenne, and C. Pagliari. 2002.** *Ostrinia nubilalis* parasitism and the field abundance of non-target insects in transgenic *Bacillus thuringiensis* corn (*Zea mays*). *Environ Biosafety Res* 1: 49-60.
- Bradford, M. M. 1976.** A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. *Anal Biochem* 72: 248-254.
- Bravo, A., S. Likitvatanavong, S. S. Gill, and M. Soberón. 2011.** *Bacillus thuringiensis*: A story of a successful bioinsecticide. *Insect Biochem Molec* 41: 423-431.
- Breitler, J. C., V. Marfa, M. Royer, D. Meynard, J. M. Vassal, B. Vercambe, R. Frutos, J. Messegue, R. Gabarra, and E. Guiderdoni. 2000.** Expression of a *Bacillus thuringiensis* *cry1B* synthetic gene protects Mediterranean rice against the striped stem borer. *Plant Cell Rep* 19: 1195-1202.
- Breitler, J. C., M. J. Cordero, M. Royer, D. Meynard, B. San Segundo, and E. Guiderdoni. 2001.**

- The-689/+197 region of the maize protease inhibitor gene directs high level, wound-inducible expression of the *cry1B* gene which protects transgenic rice plants from stemborer attack. *Mol Breeding* 7: 259-274.
- Cao, Q. J., H. Xia, X. Yang, and B. R. Lu. 2009. Performance of hybrids between weedy rice and insect-resistant transgenic rice under field experiments: implication for environmental biosafety assessment. *J Integr Plant Biol* 51: 1138-1148.
- Cao, S. S., X. Y. He, W. T. Xu, W. J. Ran, L. X. Liang, Y. B. Luo, Y. F. Yuan, N. Zhang, X. Zhou, and K. L. Huang. 2010. Safety assessment of Cry1C protein from genetically modified rice according to the national standards of PR China for a new food resource. *Regul Toxicol Pharm* 58: 474-481.
- Cao, S. S., W. T. Xu, Y. B. Luo, X. Y. He, Y. F. Yuan, W. J. Ran, L. X. Liang, and K. L. Huang. 2011. Metabonomics study of transgenic *Bacillus thuringiensis* rice (T2A-1) meal in a 90-day dietary toxicity study in rats. *Mol Biosyst* 7: 2304-2310.
- Cao, S. S., X. Y. He, W. T. Xu, Y. B. Luo, W. J. Ran, L. X. Liang, Y. Q. Dai, and K. L. Huang. 2012a. Potential allergenicity research of Cry1C protein from genetically modified rice. *Regul Toxicol Pharm* 63: 181-187.
- Cao, S. S., X. Y. He, W. T. Xu, Y. B. Luo, Y. F. Yuan, P. F. Liu, B. Cao, H. Shi, and K. L. Huang. 2012b. Safety assessment of transgenic *Bacillus thuringiensis* rice T1C-19 in Sprague-Dawley rats from metabonomics and bacterial profile perspectives. *IUBMB Life*, 64: 242-250.
- Carino, F. O., P. E. Kenmore, and V. A. Dyck. 1979. The FARMCOP suction sampler for hoppers and predators in flooded rice fields. *Int Rice Res News* 4: 21-22.
- Carriere, Y., D. W. Crowder, and B. E. Tabashnik. 2010. Evolutionary ecology of insect adaptation to *Bt* crops. *Evol Appl* 3: 561-573.
- Chen, H., W. Tang, C. G. Xu, X. H. Li, Y. J. Lin, and Q. F. Zhang. 2005. Transgenic *indica* rice plants harboring a synthetic *cry2A\** gene of *Bacillus thuringiensis* exhibit enhanced resistance against lepidopteran rice pests. *Theor Appl Genet* 111: 1330-1337.
- Chen, H., G. A. Zhang, Q. F. Zhang, and Y. J. Lin. 2008. Effect of transgenic *Bacillus thuringiensis* rice lines on mortality and feeding behavior of rice stem borers (Lepidoptera : Crambidae). *J Econ Entomol* 101: 182-189.
- Chen, L. J., D. S. Lee, Z. P. Song, H. S. Suh, and B. R. Lu. 2004. Gene flow from cultivated rice (*Oryza sativa*) to its weedy and wild relatives. *Ann Bot-London* 93: 67-73.
- Chen, M., G. Y. Ye, Y. H. W., Hu.C., and Q. Y. Shu. 2004. Evaluation of the impact of insect-resistant transgenic rice on the feeding and oviposition behavior of its non-target insect, the brown planthopper, *Nilaparvata lugens* (Homoptera: Delphacidae). *Agri Sci China* 37: 222-226.
- Chen, M., G. Y. Ye, Z. C. Liu, H. W. Yao, X. X. Chen, S. Z. Shen, C. Hu, and S. K. Datta. 2006. Field assessment of the effects of transgenic rice expressing a fused gene of *cry1Ab* and *cry1Ac* from *Bacillus thuringiensis* Berliner on nontarget planthopper and leafhopper populations. *Environ Entomol* 35: 127-134.
- Chen, M., J. Z. Zhao, H. L. Collins, E. D. Earle, J. Cao, and A. M. Shelton. 2008. A critical

- assessment of the effects of *Bt* transgenic plants on parasitoids. PLoS ONE 3: e2284. doi:2210.1371/journal.pone.0002284.
- Chen, M., G. Y. Ye, Z. C. Liu, Q. Fang, C. Hu, Y. F. Peng, and A. M. Shelton. 2009.** Analysis of Cry1Ab toxin bioaccumulation in a food chain of *Bt* rice, an herbivore and a predator. *Ecotoxicology* 18: 230-238.
- Chen, M., A. M. Shelton, and G. Y. Ye. 2011.** Insect-resistant genetically modified rice in China: from research to commercialization. *Annu Rev Entomol* 56: 81-101.
- Chen, Y., J. C. Tian, Z. C. Shen, Y. F. Peng, C. Hu, Y. Y. Guo, and G. Y. Ye. 2010.** Transgenic rice plants expressing a fused protein of Cry1Ab/Vip3H has resistance to rice stem borers under laboratory and field conditions. *J Econ Entomol* 103: 1444-1453.
- Chen, Y., J. C. Tian, W. Wang, Q. Fang, Z. R. Akhtar, Y. F. Peng, H. Cui, Y. Y. Guo, Q. S. Song, and G. Y. Ye. 2012.** *Bt* rice expressing Cry1Ab does not stimulate an outbreak of its non-target herbivore, *Nilaparvata lugens*. *Transgenic Res* 21: 279-291.
- Cheng, X. Y., R. Sardana, H. Kaplan, and I. Altosaar. 1998.** Agrobacterium-transformed rice plants expressing synthetic *cryIAb* and *cryIAc* genes are highly toxic to striped stem borer and yellow stem borer. *P Natl Acad Sci USA* 95: 2767-2772.
- Cohen, M. B., M. Chen, J. S. Bentur, K. L. Heong, and G. Y. Ye. 2008.** *Bt* rice in Asia: potential benefits, impact, and sustainability, pp. 223-248. In J. Romeis, A. M. Shelton and E. J. Kennedy (eds.), *Integration of Insect-Resistant Genetically Modified Crops within IPM Programs*. Springer, Dordrecht, The Netherlands.
- Cuong, N. L., and M. B. Cohen. 2002.** Field survey and greenhouse evaluation of non-rice host plants of the striped stem borer, *Chilo suppressalis* (Lepidoptera: Pyralidae), as refuges for resistance management of rice transformed with *Bacillus thuringiensis* toxin genes. *B Entomol Res* 92: 265-268.
- Dai, P. L., W. Zhou, J. Zhang, H. J. Cui, Q. Wang, W. Y. Jiang, J. H. Sun, Y. Y. Wu, and T. Zhou. 2012.** Field assessment of *Bt cryIAb* corn pollen on the survival, development and behavior of *Apis mellifera ligustica*. *Ecotox Environ Safe* 79: 232-237.
- Dale, D. 1994.** Insect pests of the rice plant-their biology and ecology, pp. 363-485. In E. A. Heinrichs (ed.), *Biology and Mangement of Rice Insects*. Wiley Eastern/New Age International, New Delhi, India.
- Datta, K., A. Vasquez, J. Tu, L. Torrizo, M. F. Alam, N. Oliva, E. Abrigo, G. S. Khush, and S. K. Datta. 1998.** Constitutive and tissue-specific differential expression of the *cryIAb* gene in transgenic rice plants conferring resistance to rice insect pest. *Theor Appl Genet* 97: 20-30.
- Desneux, N., R. Ramirez-Romero, A. H. Bokonon-Ganta, and J. S. Bernal. 2010.** Attraction of the parasitoid *Cotesia marginiventris* to host (*Spodoptera frugiperda*) frass is affected by transgenic maize. *Ecotoxicology* 19: 1183-1192.
- Dhurua, S., and G. T. Gujar. 2011.** Field-evolved resistance to *Bt* toxin Cry1Ac in the pink bollworm, *Pectinophora gossypiella* (Saunders) (Lepidoptera: Gelechiidae), from India. *Pest Manag Sci* 67: 898-903.

- Dively, G. P. 2005. Impact of transgenic VIP3A x Cry1Ab lepidopteran-resistant field corn on the nontarget arthropod community. *Environ Entomol* 34: 1267-1291.
- Duan, J. J., M. Marvier, J. Huesing, G. Dively, and Z. Y. Huang. 2008. A critical assessment of the effects of *Bt* transgenic plants on parasitoids. *PLoS ONE* 3: e2284. doi:2210.1371/journal.pone.0002284.
- Dutton, A., H. Klein, J. Romeis, and F. Bigler. 2003. Prey-mediated effects of *Bacillus thuringiensis* spray on the predator *Chrysoperla carnea* in maize. *Biol Control* 26: 209-215.
- Einspanier, R., A. Klotz, J. Kraft, K. Aulrich, R. Poser, F. Schwägele, G. Jahreis, and G. Flachowsky. 2001. The fate of forage plant DNA in farm animals: a collaborative case-study investigating cattle and chicken fed recombinant plant material. *Eur Food Res Technol* 212: 129-134.
- Estruch, J. J., G. W. Warren, M. A. Mullins, G. J. Nye, J. A. Craig, and M. G. Koziel. 1996. Vip3A, a novel *Bacillus thuringiensis* vegetative insecticidal protein with a wide spectrum of activities against lepidopteran insects. *P Natl Acad Sci USA* 93: 5389-5394.
- Fang, J. 2008. Vegetative insecticidal protein genes of *Bacillus thuringiensis* and expression in transgenic rice. Ph.D. dissertation, Zhejiang University, Hangzhou, Zhejiang, China.
- FAO. 2013. *FAOSTAT*. <http://faostat.fao.org/site/567/default.aspx>.
- Faria, C. A., F. L. Wackers, J. Pritchard, D. A. Barrett, and T. C. J. Turlings. 2007. High susceptibility of *Bt* maize to aphids enhances the performance of parasitoids of lepidopteran pests. *PLoS ONE* 2: e600. doi:610.1371/journal.pone.0000600.
- Ferre, J., and J. Van Rie. 2002. Biochemistry and genetics of insect resistance to *Bacillus thuringiensis*. *Annu Rev Entomol* 47: 501-533.
- Franklin, M. T., C. L. Nieman, A. F. Janmaat, M. Soberon, A. Bravo, B. E. Tabashnik, and J. H. Myers. 2009. Modified *Bacillus thuringiensis* toxins and a hybrid *B. thuringiensis* strain counter greenhouse-selected resistance in *Trichoplusia ni*. *Appl Environ Microb* 75: 5739-5741.
- Fujimoto, H., K. Itoh, M. Yamamoto, J. Kyojuka, and K. Shimamoto. 1993. Insect-resistant rice generated by introduction of a modified delta-endotoxin gene of *Bacillus thuringiensis*. *Biotechnology* 11: 1151-1155.
- Gao, M. Q., S. P. Hou, D. Q. Pu, M. Shi, G. Y. Ye, and X. X. Chen. 2010. Multi-generation effects of *Bt* rice on *Anagrus nilaparvatae*, a parasitoid of the nontarget pest *Nilaparvata lugens*. *Environ Entomol* 39: 2039-2044.
- Gassmann, A. J., J. L. Petzold-Maxwell, R. S. Keweshan, and M. W. Dunbar. 2011. Field-evolved resistance to *Bt* maize by western corn rootworm. *PLoS ONE* 6: e22629. doi:22610.21371/journal.pone.0022629.
- Gassmann, A. J. 2012. Field-evolved resistance to *Bt* maize by western corn rootworm: Predictions from the laboratory and effects in the field. *J Invertebr Pathol* 110: 287-293.
- Ge, S., T. Sang, B. R. Lu, and D. Y. Hong. 1999. Phylogeny of rice genomes with emphasis on origins of allotetraploid species. *P Natl Acad Sci USA* 96: 14400-14405.

- Gealy, D. R., D. H. Mitten, and J. N. Rutger. 2003. Gene flow between red rice (*Oryza sativa*) and herbicide-resistant rice (*O. sativa*): implications for weed management. *Weed Technol* 17: 627-645.
- Geng, L. L., H. J. Cui, P. L. Dai, Z. H. Lang, C. L. Shu, T. Zhou, F. P. Song, and J. Zhang. 2013. The influence of *Bt*-transgenic maize pollen on the bacterial diversity in the midgut of *Apis mellifera* ligustica. *Apidologie* 44: 198-208.
- Ghareyazie, B., F. Alinia, C. A. Menguito, L. G. Rubia, J. M. dePalma, E. A. Liwanag, M. B. Cohen, G. S. Khush, and J. Bennett. 1997. Enhanced resistance to two stem borers in an aromatic rice containing a synthetic *cry1Ab* gene. *Mol Breeding* 3: 401-414.
- Hachiya, K. 1981. Notes on host plants of the genus *Chilo* (Lepidoptera, Pyralidae) in Hokkaido. *Bulletin of the Hokkaido Prefecture Agricultural Experiment Station* 45: 47-52.
- Hagenbucher, S., F. L. Wackers, F. E. Wettstein, D. M. Olson, J. R. Ruberson, and J. Romeis. 2013. Pest trade-offs in technology: reduced damage by caterpillars in *Bt* cotton benefits aphids. *Proc Biol Sci* 280: 20130042.
- Hagerty, A. M., A. L. Kilpatrick, S. G. Turnipseed, M. J. Sullivan, and W. C. Bridges. 2005. Predaceous arthropods and lepidopteran pests on conventional, Bollgard, and Bollgard II cotton under untreated and disrupted conditions. *Environ Entomol* 34: 105-114.
- Han, L. Z., P. L. Liu, M. L. Hou, and Y. F. Peng. 2008. Baseline susceptibility of *Cnaphalocrocis medinalis* (Lepidoptera: Pyralidae) to *Bacillus thuringiensis* toxins in China. *J Econ Entomol* 101: 1691-1696.
- Han, P., C. Y. Niu, C. L. Lei, J. J. Cui, and N. Desneux. 2010. Quantification of toxins in a Cry1Ac+CpTI cotton cultivar and its potential effects on the honey bee *Apis mellifera* L. *Ecotoxicology* 19: 1452-1459.
- Han, P., C. Y. Niu, A. Biondi, and N. Desneux. 2012. Does transgenic Cry1Ac+CpTI cotton pollen affect hypopharyngeal gland development and midgut proteolytic enzyme activity in the honey bee *Apis mellifera* L. (Hymenoptera, Apidae)? *Ecotoxicology* 21: 2214-2221.
- Hellmich, R. L., B. D. Siegfried, M. K. Sears, D. E. Stanley-Horn, M. J. Daniels, H. R. Mattila, T. Spencer, K. G. Bidne, and L. C. Lewis. 2001. Monarch larvae sensitivity to *Bacillus thuringiensis*-purified proteins and pollen. *P Natl Acad Sci USA* 98: 11925-11930.
- Hendriksma, H. P., S. Hartel, D. Babendreier, W. von der Ohe, and I. Steffan-Dewenter. 2012. Effects of multiple *Bt* proteins and GNA lectin on in vitro-reared honey bee larvae. *Apidologie* 43: 549-560.
- Hendriksma, H. P., M. Kuting, S. Hartel, A. Nather, A. B. Dohrmann, I. Steffan-Dewenter, and C. C. Tebbe. 2013. Effect of stacked insecticidal Cry proteins from maize pollen on nurse bees (*Apis mellifera carnica*) and their gut bacteria. *PLoS ONE* 8: e59589. doi:59510.51371/journal.pone.0059589.
- Higgins, L. S., J. Babcock, P. Neese, R. J. Layton, D. J. Moellenbeck, and N. Storer. 2009. Three-year field monitoring of Cry1F, Event DAS-empty set15empty set7-1, maize hybrids for nontarget arthropod effects. *Environ Entomol* 38: 281-292.

- High, S. M., M. B. Cohen, Q. Y. Shu, and I. Altosaar. 2004. Achieving successful deployment of *Bt* rice. *Trends Plant Sci* 9: 286-292.
- Hilbeck, A., M. Baumgartner, P. M. Fried, and F. Bigler. 1998. Effects of transgenic *Bacillus thuringiensis* corn-fed prey on mortality and development time of immature *Chrysoperla carnea* (Neuroptera : Chrysopidae). *Environ Entomol* 27: 480-487.
- Ho, N. H., N. Baisakh, N. Oliva, K. Datta, R. Frutos, and S. K. Datta. 2006. Translational fusion hybrid *Bt* genes confer resistance against yellow stem borer in transgenic elite Vietnamese rice (*Oryza sativa* L.) cultivars. *Crop Sci* 46: 1420-1420.
- Huang, F. N., D. A. Andow, and L. L. Buschman. 2011. Success of the high-dose/refuge resistance management strategy after 15 years of *Bt* crop use in North America. *Entomol Exp Appl* 140: 1-16.
- Huang, J. K., R. F. Hu, S. Rozelle, and C. Pray. 2005. Insect-resistant GM rice in farmers' fields: Assessing productivity and health effects in China. *Science* 308: 688-690.
- Hulting, F. L., D. B. Orr, and J. J. Obrycki. 1990. A computer program for calculation and statistical comparison of intrinsic rates of increase and associated life table parameters. *Florida Entomologist* 73: 601-612.
- Husnain, T., J. Asad, S. B. Maqbool, S. K. Datta, and S. Riazuddin. 2002. Variability in expression of insecticidal *Cry1Ab* gene in *Indica* Basmati rice. *Euphytica* 128: 121-128.
- Hutchison, W. D., E. C. Burkness, P. D. Mitchell, R. D. Moon, T. W. Leslie, S. J. Fleischer, M. Abrahamson, K. L. Hamilton, K. L. Steffey, M. E. Gray, R. L. Hellmich, L. V. Kaster, T. E. Hunt, R. J. Wright, K. Pecinovsky, T. L. Rabaey, B. R. Flood, and E. S. Raun. 2010. Areawide suppression of european corn borer with *Bt* maize reaps savings to non-*Bt* maize growers. *Science* 330: 222-225.
- Jackson, R., M. Marcus, F. Gould, J. Bradley, and J. Van Duyn. 2007. Cross-resistance responses of *Cry1Ac*-selected *Heliothis virescens* (Lepidoptera: Noctuidae) to the *Bacillus thuringiensis* protein Vip3A. *J Econ Entomol* 100: 180-186.
- James, C. 2009. Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops: 2009, ISAAA Brief No. 41. ISAAA: Ithaca, NY.
- James, C. 2012. Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops: 2012, ISAAA Brief No. 44. ISAAA: Ithaca, NY.
- Jennings, J., L. Albee, D. Kolwyck, J. Surber, M. Taylor, G. Hartnell, R. Lirette, and K. Glenn. 2003. Attempts to detect transgenic and endogenous plant DNA and transgenic protein in muscle from broilers fed YieldGard Corn Borer Corn. *Poultry Sci* 82: 371-380.
- Karim, S., and D. H. Dean. 2000. Toxicity and receptor binding properties of *Bacillus thuringiensis* delta-endotoxins to the midgut brush border membrane vesicles of the rice leaf folders, *Cnaphalocrocis medinalis* and *Marasmia patnalis*. *Curr Microbiol* 41: 276-283.
- Khanna, H. K., and S. K. Raina. 2002. Elite *indica* transgenic rice plants expressing modified *Cry1Ac* endotoxin of *Bacillus thuringiensis* show enhanced resistance to yellow stem borer (*Scirpophaga incertulas*). *Transgenic Res* 11: 411-423.

- Khush, G. S. 2005. What it will take to feed 5.0 billion rice consumers in 2030. *Plant Mol Biol* 59: 1-6.
- Kim, S., C. Kim, W. Li, T. Kim, Y. Li, M. A. Zaidi, and I. Altosaar. 2008. Inheritance and field performance of transgenic Korean *Bt* rice lines resistant to rice yellow stem borer. *Euphytica* 164: 829-839.
- Konno, Y., and F. Tabaka. 1996. Mating time of the rice-feeding and water-oat feeding strains of the rice stem borer, *Chilo suppressalis* (Walker) (Lepidopteran:Pyralidae). *Jpn J Appl Entomol Z* 40: 245-247.
- Kruger, M., J. B. J. Van Rensburg, and J. Van den Berg. 2009. Perspective on the development of stem borer resistance to *Bt* maize and refuge compliance at the Vaalharts irrigation scheme in South Africa. *Crop Prot* 28: 684-689.
- Lawo, N. C., and J. Romeis. 2008. Assessing the utilization of a carbohydrate food source and the impact of insecticidal proteins on larvae of the green lacewing, *Chrysoperla carnea*. *Biol Control* 44: 389-398.
- Lawo, N. C., F. L. Wackers, and J. Romeis. 2009. Indian *Bt* cotton varieties do not affect the performance of cotton aphids. *PLoS ONE* 4: e4804. doi:4810.1371/journal.pone.0004804.
- Lee, M. K., F. S. Walters, H. Hart, N. Palekar, and J. S. Chen. 2003. The mode of action of the *Bacillus thuringiensis* vegetative insecticidal protein Vip3A differs from that of Cry1Ab  $\delta$ -endotoxin. *Appl Environ Microb* 69: 4648-4657.
- Lee, M. K., P. Miles, and J. S. Chen. 2006. Brush border membrane binding properties of *Bacillus thuringiensis* Vip3A toxin to *Heliothis virescens* and *Helicoverpa zea* midguts. *Biochem Bioph Res Co* 339: 1043-1047.
- Li, F. F., G. Y. Ye, Q. Wu, Y. F. Peng, and X. X. Chen. 2007. Arthropod abundance and diversity in *Bt* and non-*Bt* rice fields. *Environ Entomol* 36: 646-654.
- Li, K., J. Tian, Q. X. Wang, Q. Chen, M. Chen, H. Wang, Y. X. Zhou, Y. F. Peng, J. H. Xiao, and G. Y. Ye. 2011. Application of a novel method PCR-ligase detection reaction for tracking predator-prey trophic links in insect-resistant GM rice ecosystem. *Ecotoxicology* 20: 2090-2100.
- Li, X., X. Y. He, Y. B. Luo, G. Y. Xiao, X. B. Jiang, and K. L. Huang. 2008. Comparative analysis of nutritional composition between herbicide-tolerant rice with *bar* gene and its non-transgenic counterpart. *J Food Compos Anal* 21: 535-539.
- Li, Y., K. Wu, Y. Zhang, and G. Yuan. 2007. Degradation of Cry1Ac protein within transgenic *Bacillus thuringiensis* rice tissues under field and laboratory conditions. *Environ Entomol* 36: 1275-1282.
- Li, Y. H., M. Meissle, and J. Romeis. 2008. Consumption of *Bt* maize pollen expressing Cry1Ab or Cry3Bb1 does not harm adult green lacewings, *Chrysoperla carnea* (Neuroptera: Chrysopidae). *PLoS ONE* 3: e2909. doi:2910.1371/journal.pone.0002909.
- Li, Y. H., J. Romeis, P. Wang, Y. F. Peng, and A. M. Shelton. 2011. A comprehensive assessment of the effects of *Bt* cotton on *Coleomegilla maculata* demonstrates no detrimental effects by Cry1Ac and Cry2Ab. *PLoS ONE* 6: e22185. doi:22110.21371/journal.pone.0022185.

- Littel, R., G. A. Milliken, W. W. Stroup, R. D. Wolfinger, and O. Schabenberger. 2006. SAS® for mixed models. SAS Institute Inc., Cary, NC.
- Liu, X. D., B. P. Zhai, X. X. Zhang, and J. M. Zong. 2005. Impact of transgenic cotton plants on a non-target pest, *Aphis gossypii* Glover. *Ecol Entomol* 30: 307-315.
- Liu, X. X., M. Chen, D. Onstad, R. Roush, and A. M. Shelton. 2011. Effect of *Bt* broccoli and resistant genotype of *Plutella xylostella* (Lepidoptera: Plutellidae) on development and host acceptance of the parasitoid *Diadegma insulare* (Hymenoptera: Ichneumonidae). *Transgenic Res* 20: 887-897.
- Loc, N. T., P. Tinjuangjun, A. M. R. Gatehouse, P. Christou, and J. A. Gatehouse. 2002. Linear transgene constructs lacking vector backbone sequences generate transgenic rice plants which accumulate higher levels of proteins conferring insect resistance. *Mol Breeding* 9: 231-244.
- Losey, J. E., L. S. Rayor, and M. E. Carter. 1999. Transgenic pollen harms monarch larvae. *Nature* 399: 214-214.
- Lu, B. R. 2008. Transgene escape from GM crops and potential biosafety consequences: an environmental perspective. *International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology (ICGEB). Collection of Biosafety Reviews* 4: 66-141.
- Lu, B. R., and A. A. Snow. 2005. Gene flow from genetically modified rice and its environmental consequences. *Bioscience* 55: 669-678.
- Lu, B. R., and C. Yang. 2009. Gene flow from genetically modified rice to its wild relatives: Assessing potential ecological consequences. *Biotechnol Adv* 27: 1083-1091.
- Lu, Y. H., K. M. Wu, Y. Y. Jiang, B. Xia, P. Li, H. Q. Feng, K. A. G. Wyckhuys, and Y. Y. Guo. 2010. Mirid bug outbreaks in multiple crops correlated with wide-scale adoption of *Bt* cotton in China. *Science* 328: 1151-1154.
- Lu, Y. H., K. M. Wu, Y. Y. Jiang, Y. Y. Guo, and N. Desneux. 2012. Widespread adoption of *Bt* cotton and insecticide decrease promotes biocontrol services. *Nature* 487: 362-365.
- Lumbierres, B., R. Albajes, and X. Pons. 2004. Transgenic *Bt* maize and *Rhopalosiphum padi* (Hom., Aphididae) performance. *Ecol Entomol* 29: 309-317.
- Maia, A. D. N., A. J. B. Luiz, and C. Campanhola. 2000. Statistical inference on associated fertility life table parameters using jackknife technique: Computational aspects. *J Econ Entomol* 93: 511-518.
- MAPC, M. o. A. o. t. P. s. R. o. C. 2009. The second list of approval agricultural genetically modified organisms'safety certificates in 2009, <http://www.stee.agri.gov.cn/biosafety/spxx/P020091127591594596689.pdf>.
- Maqbool, S. B., T. Husnain, S. Riazuddin, L. Masson, and P. Christou. 1998. Effective control of yellow stem borer and rice leaf folder in transgenic rice *indica* varieties Basmati 370 and M 7 using the novel delta-endotoxin *cry2A Bacillus thuringiensis* gene. *Mol Breeding* 4: 501-507.
- Maqbool, S. B., S. Riazuddin, N. T. Loc, A. M. R. Gatehouse, J. A. Gatehouse, and P. Christou. 2001. Expression of multiple insecticidal genes confers broad resistance against a range of different rice pests. *Mol Breeding* 7: 85-93.

- Marvier, M., C. McCreedy, J. Regetz, and P. Kareiva. 2007. A meta-analysis of effects of *Bt* cotton and maize on nontarget invertebrates. *Science* 316: 1475-1477.
- McGaughey, W. H. 1985. Insect resistance to the biological insecticide *Bacillus thuringiensis*. *Science* 229: 193-194.
- Mellet, M. A., and A. S. Schoeman. 2007. Effect of *Bt*-cotton on chrysopids, ladybird beetles and their prey: Aphids and whiteflies. *Indian J Exp Biol* 45: 554.
- Mendelsohn, M., J. Kough, Z. Vaituzis, and K. Matthews. 2003. Are *Bt* crops safe? *Nat Biotechnol* 21: 1003-1009.
- Meng, F. X., K. M. Wu, X. W. Gao, Y. F. Peng, and Y. Y. Guo. 2003. Geographic variation in susceptibility of *Chilo suppressalis* (Lepidoptera: Pyralidae) to *Bacillus thuringiensis* toxins in China. *J Econ Entomol* 96: 1838-1842.
- Moraes, M. C. B., R. A. Laumann, M. F. S. Aquino, D. P. Paula, and M. Borges. 2011. Effect of *Bt* genetic engineering on indirect defense in cotton via a tritrophic interaction. *Transgenic Res* 20: 99-107.
- Naranjo, S. E. 2005a. Long-term assessment of the effects of transgenic *Bt* cotton on the abundance of nontarget arthropod natural enemies. *Environ Entomol* 34: 1193-1210.
- Naranjo, S. E. 2005b. Long-term assessment of the effects of transgenic *Bt* cotton on the function of the natural enemy community. *Environ Entomol* 34: 1211-1223.
- Naranjo, S. E. 2009. Impacts of *Bt* crops on non-target invertebrates and insecticide use patterns. *CAB Reviews: perspectives in agriculture, veterinary science, nutrition and natural resources* 4: 1-11.
- Naranjo, S. E. 2010. Impacts of *Bt* transgenic cotton on integrated pest management. *J Agr Food Chem* 59: 5842-5851.
- Nayak, P., D. Basu, S. Das, A. Basu, D. Ghosh, N. A. Ramakrishnan, M. Ghosh, and S. K. Sen. 1997. Transgenic elite *indica* rice plants expressing Cry1Ac delta-endotoxin of *Bacillus thuringiensis* are resistant against yellow stem borer (*Scirpophaga incertulas*). *P Natl Acad Sci USA* 94: 2111-2116.
- Nester, E., L. Thomashow, M. Metz, and M. Gordon. 2002. 100 years of *Bacillus thuringiensis*-A critical scientific assessment. *American Academy of Microbiology*: 1-22.
- Oberhauser, K. S., M. D. Prysby, H. R. Mattila, D. E. Stanley-Horn, M. K. Sears, G. Dively, E. Olson, J. M. Pleasants, W. K. F. Lam, and R. L. Hellmich. 2001. Temporal and spatial overlap between monarch larvae and corn pollen. *P Natl Acad Sci USA* 98: 11913-11918.
- Obrist, L. B., A. Dutton, J. Romeis, and F. Bigler. 2006. Biological activity of Cry1Ab toxin expressed by *Bt* maize following ingestion by herbivorous arthropods and exposure of the predator *Chrysoperla carnea*. *Biocontrol* 51: 31-48.
- Oka, H.-I., and H. Morishima. 1967. Variations in the breeding systems of a wild rice, *Oryza perennis*. *Evolution* 21: 249-258.
- Park, S. Y., S. M. Lee, J. H. Lee, H. S. Ko, S. J. Kweon, S. C. Suh, K. S. Shin, and J. K. Kim. 2012. Compositional comparative analysis between insect-resistant rice (*Oryza sativa* L.) with a

- synthetic *cryIAc* gene and its non-transgenic counterpart. *Plant Biotechnol Rep* 6: 29-37.
- Pathak, P., R. Saxena, and E. Heinrichs. 1982.** Parafilm sachet for measuring honeydew excretion by *Nilaparvata lugens* on rice. *J Econ Entomol* 75: 194-195.
- Pleasant, J. M., R. L. Hellmich, G. P. Dively, M. K. Sears, D. E. Stanley-Horn, H. R. Mattila, J. E. Foster, P. Clark, and G. D. Jones. 2001.** Corn pollen deposition on milkweeds in and near cornfields. *P Natl Acad Sci USA* 98: 11919-11924.
- Pons, X., B. Lumbierres, C. Lopez, and R. Albajes. 2005.** Abundance of non-target pests in transgenic Bt-maize: A farm scale study. *Eur J Entomol* 102: 73-79.
- Ramirez-Romero, R., N. Desneux, J. Chaufaux, and L. Kaiser. 2008.** Bt-maize effects on biological parameters of the non-target aphid *Sitobion avenae* (Homoptera: Aphididae) and Cry1Ab toxin detection. *Pestic Biochem Phys* 91: 110-115.
- Reuter, T., and K. Aulrich. 2003.** Investigations on genetically modified maize (Bt-maize) in pig nutrition: fate of feed-ingested foreign DNA in pig bodies. *Eur Food Res Technol* 216: 185-192.
- Rodrigo-Simón, A., R. A. de Maagd, C. Avilla, P. L. Bakker, J. W. Molthoff, J. E. González-Zamora, and J. Ferré. 2006.** Lack of detrimental effects of *Bacillus thuringiensis* Cry toxins on the insect predator *Chrysoperla carnea*: a toxicological, histopathological, and biochemical analysis. *Appl Environ Microb* 72: 1595-1603.
- Romeis, J., A. Dutton, and F. Bigler. 2004.** *Bacillus thuringiensis* toxin (Cry1Ab) has no direct effect on larvae of the green lacewing *Chrysoperla carnea* (Stephens) (Neuroptera : Chrysopidae). *J Insect Physiol* 50: 175-183.
- Romeis, J., M. Meissle, and F. Bigler. 2006.** Transgenic crops expressing *Bacillus thuringiensis* toxins and biological control. *Nat Biotechnol* 24: 63-71.
- Romeis, J., M. Meissle, A. Raybould, and R. L. Hellmich. 2009.** Impact of insect-resistant transgenic crops on above-ground nontarget arthropods, pp. 165-198. *In* N. Ferry and A. M. R. Gatehouse [eds.], *Environmental Impact of Genetically Modified Crops*. CABI, Wallingford.
- Rong, J., H. Xia, Y. Y. Zhu, Y. Y. Wang, and B. R. Lu. 2004.** Asymmetric gene flow between traditional and hybrid rice varieties (*Oryza sativa*) indicated by nuclear simple sequence repeats and implications for germplasm conservation. *New Phytol* 163: 439-445.
- Rong, J., Z. P. Song, J. Su, H. Xia, B. R. Lu, and F. Wang. 2005.** Low frequency of transgene flow from Bt/CpTI rice to its nontransgenic counterparts planted at close spacing. *New Phytol* 168: 559-566.
- Rong, J., B. R. Lu, Z. P. Song, J. Su, A. A. Snow, X. S. Zhang, S. G. Sun, R. Chen, and F. Wang. 2007.** Dramatic reduction of crop-to-crop gene flow within a short distance from transgenic rice fields. *New Phytol* 173: 346-353.
- Rong, J., Z. P. Song, T. J. de Jong, X. S. Zhang, S. G. Sun, X. Xu, H. Xia, B. Liu, and B. R. Lu. 2010.** Modelling pollen-mediated gene flow in rice: risk assessment and management of transgene escape. *Plant Biotechnol J* 8: 452-464.
- Rong, J., F. Wang, Z. P. Song, J. Su, R. Chen, and B. R. Lu. 2012.** Scale effect on rice

- pollen-mediated gene flow: implications in assessing transgene flow from genetically engineered plants. *Ann Appl Biol* 161: 3-11.
- Sanahuja, G., R. Banakar, R. M. Twyman, T. Capell, and P. Christou. 2011. *Bacillus thuringiensis*: a century of research, development and commercial applications. *Plant Biotechnol J* 9: 283-300.
- SASInstitute. 2001. SAS V9.1 Help. SAS Institute Inc Cary, North Carolina, USA.
- Saxena, D., C. N. Stewart, I. Altosaar, Q. Shu, and G. Stotzky. 2004. Larvicidal Cry proteins from *Bacillus thuringiensis* are released in root exudates of transgenic *B. thuringiensis* corn, potato, and rice but not of *B. thuringiensis* canola, cotton, and tobacco. *Plant Physiol Bioch* 42: 383-387.
- Schuler, T. H., R. P. J. Potting, I. Denholm, S. J. Clark, A. J. Clark, C. N. Stewart, and G. M. Poppy. 2003. Tritrophic choice experiments with *Bt* plants, the diamondback moth (*Plutella xylostella*) and the parasitoid *Cotesia plutellae*. *Transgenic Res* 12: 351-361.
- Schuler, T. H., I. Denholm, S. J. Clark, C. N. Stewart, and G. M. Poppy. 2004. Effects of *Bt* plants on the development and survival of the parasitoid *Cotesia plutellae* (Hymenoptera : Braconidae) in susceptible and *Bt*-resistant larvae of the diamondback moth, *Plutella xylostella* (Lepidoptera : Plutellidae). *J Insect Physiol* 50: 435-443.
- Sears, M. K., R. L. Hellmich, D. E. Stanley-Horn, K. S. Oberhauser, J. M. Pleasants, H. R. Mattila, B. D. Siegfried, and G. P. Dively. 2001. Impact of *Bt* corn pollen on monarch butterfly populations: A risk assessment. *P Natl Acad Sci USA* 98: 11937-11942.
- Shelton, A. M., J. Z. Zhao, and R. T. Roush. 2002. Economic, ecological, food safety, and social consequences of the deployment of *Bt* transgenic plants. *Ann Rev Entom* 47: 845-881.
- Shivrain, V. K., N. R. Burgos, M. M. Anders, S. N. Rajguru, J. Moore, and M. A. Sales. 2007. Gene flow between Clearfield™ rice and red rice. *Crop Prot* 26: 349-356.
- Shu, Q. Y., G. Y. Ye, H. R. Cui, X. Y. Cheng, Y. B. Xiang, D. X. Wu, M. W. Gao, Y. W. Xia, C. Hu, R. Sardana, and I. Altosaar. 2000. Transgenic rice plants with a synthetic *cry1Ab* gene from *Bacillus thuringiensis* were highly resistant to eight lepidopteran rice pest species. *Mol Breeding* 6: 433-439.
- Siegel, J. P. 2001. The Mammalian safety of *Bacillus thuringiensis* based insecticides. *J Invertebr Pathol* 77: 13-21.
- Song, Z. P., B. R. Lu, Y. G. Zhu, and J. K. Chen. 2003. Gene flow from cultivated rice to the wild species *Oryza rufipogon* under experimental field conditions. *New Phytol* 157: 657-665.
- Song, Z. P., B. R. Lu, and J. K. Chen. 2004a. Pollen flow of cultivated rice measured under experimental conditions. *Biodivers Conserv* 13: 579-590.
- Song, Z. P., B. R. Lu, B. Wang, and J. K. Chen. 2004b. Fitness estimation through performance comparison of F-1 hybrids with their parental species *Oryza rufipogon* and *O.sativa*. *Ann Bot-London* 93: 311-316.
- Song, Z. P., B. Li, J. K. Chen, and B. R. Lu. 2005. Genetic diversity and conservation of common wild rice (*Oryza rufipogon*) in China. *Plant Species Biology* 20: 83-92.

- Stanley-Horn, D. E., G. P. Dively, R. L. Hellmich, H. R. Mattila, M. K. Sears, R. Rose, L. C. H. Jesse, J. E. Losey, J. J. Obrycki, and L. Lewis. 2001. Assessing the impact of Cry1Ab-expressing corn pollen on monarch butterfly larvae in field studies. *P Natl Acad Sci USA* 98: 11931-11936.
- Storer, N. P., J. M. Babcock, M. Schlenz, T. Meade, G. D. Thompson, J. W. Bing, and R. M. Huckaba. 2010. Discovery and characterization of field resistance to *Bt* Maize: *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) in Puerto Rico. *J Econ Entomol* 103: 1031-1038.
- Tabashnik, B. E., N. L. Cushing, N. Finson, and M. W. Johnson. 1990. Field development of resistance to *Bcillus thuringiensis* in diamondback moth (Lepidoptera, Plutellidae). *J Econ Entomol* 83: 1671-1676.
- Tabashnik, B. E., J. B. J. Van Rensburg, and Y. Carrière. 2009. Field-evolved insect resistance to *Bt* crops: definition, theory, and data. *J Econ Entomol* 102: 2011-2025.
- Tabashnik, B. E., F. N. Huang, M. N. Ghimire, B. R. Leonard, B. D. Siegfried, M. Rangasamy, Y. J. Yang, Y. D. Wu, L. J. Gahan, D. G. Heckel, A. Bravo, and M. Soberon. 2011. Efficacy of genetically modified *Bt* toxins against insects with different genetic mechanisms of resistance. *Nat Biotechnol* 29: 1128-1133.
- Tang, Q. Y., and M. G. Feng. 2007. *DPS Data processing for practical statistics*, Science Press, Beijing, China.
- Tang, W., H. Chen, C. G. Xu, X. H. Li, Y. J. Lin, and Q. F. Zhang. 2006. Development of insect-resistant transgenic indica rice with a synthetic *cry1C\** gene. *Mol Breeding* 18: 1-10.
- Ter Braak, C. J. F., and P. Smilauer. 2002. *Canoco 4.5: Reference Manual and Canodraw for Windows. User's Guide: Software Form Canonical Community Ordination (version 4.5)*, Microcomputer Power, Ithaca, NY, USA.
- Tian, J. C., Z. C. Liu, M. Chen, Y. Chen, X. X. Chen, Y. F. Peng, C. Hu, and G. Y. Ye. 2010. Laboratory and field assessments of prey-mediated effects of transgenic *Bt* rice on *Ummeliata insecticeps* (Araneida: Linyphiidae). *Environ Entomol* 39: 1369-1377.
- Tian, J. C., Y. Chen, Z. L. Li, K. Li, M. Chen, Y. F. Peng, C. Hu, A. M. Shelton, and G. Y. Ye. 2012a. Transgenic *Cry1Ab* rice does not impact ecological fitness and predation of a generalist spider. *PLoS ONE* 7: e35164. doi:35110.31371/journal.pone.0035164.
- Tian, J. C., H. L. Collins, J. Romeis, S. E. Naranjo, R. L. Hellmich, and A. M. Shelton. 2012b. Using field-evolved resistance to Cry1F maize in a lepidopteran pest to demonstrate no adverse effects of Cry1F on one of its major predators. *Transgenic Res* 12: 1303-1310.
- Tian, J. C., X. P. Wang, L. P. Long, J. Romeis, S. E. Naranjo, R. L. Hellmich, P. Wang, E. D. Earle, and A. M. Shelton. 2013. *Bt* crops producing Cry1Ac, Cry2Ab and Cry1F do not harm the green lacewing, *Chrysoperla rufilabris*. *PLoS ONE* 8: e60125. doi:60110.61371/journal.pone.0060125.
- Tu, J. M., G. A. Zhang, K. Datta, C. G. Xu, Y. Q. He, Q. F. Zhang, G. S. Khush, and S. K. Datta. 2000. Field performance of transgenic elite commercial hybrid rice expressing *Bacillus thuringiensis*  $\delta$ -endotoxin. *Nat Biotechnol* 18: 1101-1104.

- Turlings, T. C. J., P. M. Jeanbourquin, M. Held, and T. Degen. 2005. Evaluating the induced-odour emission of a *Bt* maize and its attractiveness to parasitic wasps. *Transgenic Res* 14: 807-816.
- Van den Brink, P. J., R. Van Wijngaarden, W. G. H. Lucassen, T. Brock, and P. Leeuwangh. 1996. Effects of the insecticide Dursban® 4E (active ingredient chlorpyrifos) in outdoor experimental ditches: II. Invertebrate community responses and recovery. *Environ Toxicol Chem* 15: 1143-1153.
- Van den Brink, P. J., and C. J. F. T. Braak. 1999. Principal response curves: Analysis of time-dependent multivariate responses of biological community to stress. *Environ Toxicol Chem* 18: 138-148.
- Wünn, J., A. Kloti, P. K. Burkhardt, G. C. G. Biswas, K. Launis, V. A. Iglesias, and I. Potrykus. 1996. Transgenic *Indica* rice breeding line IR58 expressing a synthetic *cry1Ab* gene from *Bacillus thuringiensis* provides effective insect pest control. *Bio-Technology* 14: 171-176.
- Wang, F., Q. H. Yuan, L. B. Shi, Q. Qian, W. G. Liu, B. G. Kuang, D. L. Zeng, Y. L. Liao, B. Cao, and S. R. Jia. 2006. A large-scale field study of transgene flow from cultivated rice (*Oryza sativa*) to common wild rice (*O. rufipogon*) and barnyard grass (*Echinochloa crusgalli*). *Plant Biotechnol J* 4: 667-676.
- Wang, H., Q. Ye, J. Gan, and L. Wu. 2007. Biodegradation of Cry1Ab protein from *Bt* transgenic rice in aerobic and flooded paddy soils. *J Agr Food Chem* 55: 1900-1904.
- Wang, Y., W. T. Xu, W. W. Zhao, J. R. Hao, Y. B. Luo, X. G. Tang, Y. Zhang, and K. L. Huang. 2012. Comparative analysis of the proteomic and nutritional composition of transgenic rice seeds with *cry1Ab/Ac* genes and their non-transgenic counterparts. *J Cereal Sci* 55: 226-233.
- Wang, Y. M., G. A. Zhang, J. P. Du, M. C. Wang, and B. A. Liu. 2010. Influence of transgenic hybrid rice expressing a fused gene derived from *cry1Ab* and *cry1Ac* on primary insect pests and rice yield. *Crop Prot* 29: 128-133.
- Wang, Y. Y., Y. H. Li, J. Romeis, X. P. Chen, J. Zhang, H. Y. Chen, and Y. F. Peng. 2012. Consumption of *Bt* rice pollen expressing Cry2Aa does not cause adverse effects on adult *Chrysoperla sinica* Tjeder (Neuroptera: Chrysopidae). *Biol Control* 61: 246-251.
- Wang, Z. H., Y. Wang, H. R. Cui, Y. W. Xia, I. Altosaar, and Q. Y. Shu. 2002. Toxicological evaluation of transgenic rice flour with a synthetic *cry1Ab* gene from *Bacillus thuringiensis*. *J Sci Food Agr* 82: 738-744.
- Whitehouse, M. E. A., L. J. Wilson, and G. A. Constable. 2007. Target and non-target effects on the invertebrate community of Vip cotton, a new insecticidal transgenic. *Aust J Agr Res* 58: 273-285.
- Wolfenbarger, L. L., S. E. Naranjo, J. G. Lundgren, R. J. Bitzer, and L. S. Watrud. 2008. *Bt* crop effects on functional guilds of non-target arthropods: a meta-analysis. *PLoS ONE* 3: e2118. doi:2110.1371/journal.pone.0002118.
- Wraight, C. L., A. R. Zangerl, M. J. Carroll, and M. R. Berenbaum. 2000. Absence of toxicity of *Bacillus thuringiensis* pollen to black swallowtails under field conditions. *P Natl Acad Sci USA* 97: 7700-7703.

- Wu, C., Y. Fan, C. Zhang, N. Oliva, and S. K. Datta. 1997. Transgenic fertile *japonica* rice plants expressing a modified *cry1Ab* gene resistant to yellow stem borer. *Plant Cell Rep* 17: 129-132.
- Wu, D. X., Q. Y. Shu, Q. F. Ye, Z. Lei, C. X. Ma, and Y. W. Xia. 2003. Comparative studies on major nutritional components and physicochemical properties of the transgenic rice with a synthetic *cry1Ab* gene from *Bacillus thuringiensis*. *J Food Biochem* 27: 295-308.
- Wu, K. M., and Y. Y. Guo. 2003. Influences of *Bacillus thuringiensis* Berliner cotton planting on population dynamics of the cotton aphid, *Aphis gossypii* Glover, in northern China. *Environ Entomol* 32: 312-318.
- Wu, K. M., and Y. Y. Guo. 2005. The evolution of cotton pest management practices in China. *Annu Rev Entomol* 50: 31-52.
- Wu, K. M., Y. H. Lu, H. Q. Feng, Y. Y. Jiang, and J. Z. Zhao. 2008. Suppression of cotton bollworm in multiple crops in china in areas with *Bt* toxin-containing cotton. *Science* 321: 1676-1678.
- Xia, H., B. R. Lu, J. Su, R. Chen, J. Rong, Z. P. Song, and F. Wang. 2009. Normal expression of insect-resistant transgene in progeny of common wild rice crossed with genetically modified rice: its implication in ecological biosafety assessment. *Theor Appl Genet* 119: 635-644.
- Xu, X. L., Y. Han, G. Wu, W. L. Cai, B. Q. Yuan, H. Wang, F. Z. Liu, M. Q. Wang, and H. X. Hua. 2011. Field evaluation of effects of transgenic *cry1Ab/cry1Ac*, *cry1C* and *cry2A* rice on *Cnaphalocrocis medinalis* and its arthropod predators. *Sci China Life Sci* 54: 1019-1028.
- Yang, X., H. Xia, W. Wang, F. Wang, J. Su, A. A. Snow, and B. R. Lu. 2011. Transgenes for insect resistance reduce herbivory and enhance fecundity in advanced generations of crop-weed hybrids of rice. *Evol Appl* 4: 672-684.
- Yang, X., F. Wang, J. Su, and B. R. Lu. 2012. Limited fitness advantages of crop-weed hybrid progeny containing insect-resistant transgenes (*Bt/CpTI*) in transgenic rice field. *PLoS ONE* 7: e41220. doi:41210.41371/journal.pone.0041220.
- Yang, Z., H. Chen, W. Tang, H. X. Hua, and Y. J. Lin. 2011. Development and characterisation of transgenic rice expressing two *Bacillus thuringiensis* genes. *Pest Manag Sci* 67: 414-422.
- Yao, H. W., G. Y. Ye, C. Y. Jiang, L. J. Fan, K. Datta, C. Hu, and S. K. Datta. 2006. Effect of the pollen of transgenic rice line, TT9-3 with a fused *cry1Ab/cry1Ac* gene from *Bacillus thuringiensis* Berliner on non-target domestic silkworm, *Bombyx mori* Linnaeus (Lepidoptera : Bombyxidae). *Appl Entomol Zool* 41: 339-348.
- Yao, H. W., C. Y. Jiang, G. Y. Ye, C. Hu, and Y. F. Peng. 2008. Toxicological assessment of pollen from different bt rice lines on *Bombyx mori* (Lepidoptera : Bombyxidae). *Environ Entomol* 37: 825-837.
- Ye, G. Y., Q. Y. Shu, H. W. Yao, H. R. Cui, X. Y. Cheng, C. Hu, Y. W. Xia, M. W. Gao, and I. Altosaar. 2001a. Field evaluation of resistance of transgenic rice containing a synthetic *cry1Ab* gene from *Bacillus thuringiensis* Berliner to two stem borers. *J Econ Entomol* 94: 271-276.
- Ye, G. Y., J. TU, C. HU, K. Datta, and S. Datta. 2001b. Transgenic IR72 with fused *Bt* gene *cry1Ab/cry1Ac* from *Bacillus thuringiensis* is resistant against four lepidopteran species under

- field conditions. *Plant Biotechnol* 18: 125-133.
- Ye, G. Y., H. W. Yao, Q. Y. Shu, X. Cheng, C. Hu, Y. W. Xia, M. W. Gao, and I. Altosaar. 2003.** High levels of stable resistance in transgenic rice with a *cry1Ab* gene from *Bacillus thuringiensis* Berliner to rice leaffolder, *Cnaphalocrocis medinalis* (Guenee) under field conditions. *Crop Prot* 22: 171-178.
- Ye, R. J., H. Q. Huang, Z. Yang, T. Y. Chen, L. Liu, X. H. Li, H. Chen, and Y. J. Lin. 2009.** Development of insect-resistant transgenic rice with Cry1C\*-free endosperm. *Pest Manag Sci* 65: 1015-1020.
- Zangerl, A. R., D. McKenna, C. L. Wraight, M. Carroll, P. Ficarello, R. Warner, and M. R. Berenbaum. 2001.** Effects of exposure to event 176 *Bacillus thuringiensis* corn pollen on monarch and black swallowtail caterpillars under field conditions. *P Natl Acad Sci USA* 98: 11908-11912.
- Zhang, G. F., F. H. Wan, S. T. Murphy, J. Y. Guo, and W. X. Liu. 2008.** Reproductive biology of two nontarget insect species, *Aphis gossypii* (Homoptera: Aphididae) and *Orius sauteri* (Hemiptera: Anthororidae), on *Bt* and non-*Bt* cotton cultivars. *Environ Entomol* 37: 1035-1042.
- Zhang, Y. J., Y. H. Li, Y. Zhang, Y. Chen, K. M. Wu, Y. F. Peng, and Y. Y. Guo. 2011.** Seasonal expression of *Bt* proteins in transgenic rice lines and the resistance against asiatic rice borer *Chilo suppressalis* (Walker). *Environ Entomol* 40: 1323-1330.
- Zhao, H. Y., Y. J. Zhang, K. J. Zhao, and Y. Y. Guo. 2004.** Expression of Cry1Ac protein in CryAc/CpTI transgenic rice and its resistance in different stages to *Chilo suppressalis*. *Journal of Agricultural Biotechnology* 12: 76-79.
- Zhao, J. Z., J. Cao, Y. X. Li, H. L. Collins, R. T. Roush, E. D. Earle, and A. M. Shelton. 2003.** Transgenic plants expressing two *Bacillus thuringiensis* toxins delay insect resistance evolution. *Nat Biotechnol* 21: 1493-1497.
- Zhao, J. Z., J. Cao, H. L. Collins, S. L. Bates, R. T. Roush, E. D. Earle, and A. M. Shelton. 2005.** Concurrent use of transgenic plants expressing a single and two *Bacillus thuringiensis* genes speeds insect adaptation to pyramided plants. *P Natl Acad Sci USA* 102: 8426-8430.
- Zheng, X. S., Y. J. Yang, H. X. Xu, H. Chen, B. J. Wang, Y. J. Lin, and Z. X. Lu. 2011.** Resistance performances of transgenic *Bt* rice lines T2A-1 and T1c-19 against *Cnaphalocrocis medinalis* (Lepidoptera: Pyralidae). *J Econ Entomol* 104: 1730-1735.
- Zhou, X. B., and W. M. Shi. 2007.** Effect of root surface iron plaque on Se translocation and uptake by Fe-deficient rice. *Pedosphere* 17: 580-587.